

Metodología para caracterizar señales de vibración en motores
diésel, usando representaciones del Tiempo, Frecuencia y
Tiempo-Frecuencia y diagnóstico mediante HMM

Pablo A. Aristizabal V.

Universidad Tecnológica de Pereira

Facultad de Ingeniería Eléctrica

Pereira, Risaralda, Colombia

2016

Metodología para caracterizar señales de vibración en motores diésel, usando representaciones del Tiempo, Frecuencia y Tiempo-Frecuencia y diagnóstico mediante HMM.

Pablo A. Aristizabal V.

Proyecto presentado como requisito parcial para optar al título de: Ingeniero Electricista

Director: PhD(C), M. Sc.Ing. Mauricio Holguín Londoño Profesor
Programa de Ingeniería Eléctrica Universidad Tecnológica de
Pereira

Facultad de Ingeniería Eléctrica

Pereira, Risaralda, Colombia

2016

Agradecimientos

Me faltan palabras para expresar lo que signifíco para mí aprender esta hermosa profesión. Las maravillosas personas que pasaron a lo largo de seis años de esfuerzo y dedicación en el estudio de la ingeniería eléctrica. Me hace muy feliz el hecho de haber tenido la oportunidad de conocer los amigos y profesores que me dieron lo mejor sí, desde una explicación para el examen de la otra semana hasta las sonrisas que saque y me sacaron en los pasillos de la universidad. Agradezco a mis padres, los compañeros que llevo en el corazón, a mi director de trabajo de grado el ingeniero Mauricio Holguin y su hermano German Holguin por toda la ayuda que me brindaron durante mis últimos años de mi formación como ingeniero. Seguiré estudiando para mejorar este mundo atra vez de la ingeniería eléctrica.

CONTENIDO

1	Parte I. INTRODUCCION	7
1.1	PLANTEAMIENTO	7
1.2	JUSTIFICACIÓN	8
1.3	OBJETIVOS	9
2	Parte II. MATERIALES Y MÉTODOS	10
2.1	MOTORES DIESEL	10
2.2	VIBRACIONES.....	11
	<i>Señales de vibracion:</i>	<i>11</i>
2.3	ALGORITMOS GENÉTICOS	12
	• Aleatorio:	13
	• Reemplazo de padres:	13
	• Reemplazo de similares:	13
2.3.1	Cruce:	13
	<i>Cruce de un punto</i>	<i>13</i>
	<i>Cruce de dos puntos</i>	<i>14</i>
	<i>Cruce uniforme</i>	<i>14</i>
2.3.3	Mutación	14
	<i>Fitness estandarizado</i>	<i>15</i>
	<i>Fitness ajustado</i>	<i>16</i>
2.3.4	Esquema básico del Algoritmo Genético	16
2.4	CADENAS OCULTAS DE MARKOV (HMM).....	17
2.5	ESPACIOS DE REPRESENTACIÓN	21
3	Parte III. RESULTADOS, DISCUSIÓN Y CONCLUSIONES	24
3.1	MARCO EXPERIMENTAL	24
3.1.1.1	Segmentación.....	24
3.1.1.4	Filtrado antialiasing:	27
3.2	RESULTADOS	36
4	CONCLUSIONES.....	65
5	BIBLIOGRAFÍA	66



INDICE DE TABLAS

Tabla 1.....25

Tabla 2.....26

Tabla 3.....36

Tabla 4.....41

Tabla 5.....47

Tabla 6.....52

Tabla 7.....58

INDICE DE FIGURAS

Figura 1: Diferencias entre un motor diésel y un motor de gasolina	10
Figura 2: relación entre velocidad, aceleración y desplazamiento	12
Figura 3: Codificación binaria de un individuo	12
Figura 4: Cruce de dos puntos	14
Figura 5: Cruce uniforme	14
Figura 6: Diagrama de flujo de la programación genética	17
Figura 7: Segmentación de la señal de vibración	24
Figura 8: Clusters usando K-means	34
Figura 9: Media y desviación por espacio de representación: (a)Tiempo, (b)Frecuencia, (c) Melcepstrum.	38
Figura 10: (a) Confiabilidad por estados HMM, (b) tiempo de entrenamiento según estados HMM.	38
Figura 11:Media y desviación para combinación de espacios de representación (T:tiempo, F:frecuencia y M:melcepstrum): (a)T, (b) F, (c) F-T, (d) M, (e) M-T, (f) M-F, (g) M-F-T.	45
Figura 12: Confiabilidad por estados HMM, (b) tiempo entrenamiento según estados HMM.	45
Figura 13:Confiabilidad de caraterísticas del espacio: (a) Tiempo, (b) Frecuencia, (c) Melcepstrum. Tiempo de entrenamiento del espacio (d) Tiempo, (e) Frecuencia, (g) Melcepstrum.	50
Figura 14: Confiabilidades por población elite inicial y final, en los 10 estados de salud. (d): evolución elites iniciales respecto a los finales por estados HMM.	61
Figura 15: Confiabilidades para cada elite inicial y final, en los 10 estados de salud. (d): Evolución de elites iniciales respecto a finales según estados HMM.	62
Figura 16: Confiabilidades para cada elite inicial y final, en los 10 estados de salud. (d): Evolución de elites iniciales respecto a finales según estados HMM.	62

1 Parte I. INTRODUCCION

1.1 PLANTEAMIENTO

Los motores diésel son usados en muchas aplicaciones tales como: sistemas de transporte masivos, vehículos militares, centrales de generación de energía eléctrica, entre otros. Estos motores operan eficientemente cuando trabajan entre el 70 y 80% de la potencia nominal, sin embargo, cuando trabajan por un largo periodo de tiempo bajo el 30% de su potencia, ocurre el wetstacking, o en otras palabras, no todo el combustible que se quema pasa al escape, aumentando los costos de mantenimiento. Con el fin de mejorar la eficiencia y evitar el wetstacking, una carga mínima de aproximadamente el 30% a 40% por lo general es recomendado por los fabricantes [1].

Este tipo de motores opera de forma continua y requieren un mantenimiento trimestral como mínimo. La reducción de acciones de mantenimiento permite minimizar costos laborales, de desplazamiento, junto con todas las piezas de mantenimiento (filtros, lubricantes, etc.) [2].

Los motores diésel poseen un proceso físico que a veces se refiere como ciclo-estacionario. Entre muchas categorías de fallas, están las de combustión (como fallos de encendido y fugas en el sistema de inyección), que son de particular interés ya que se producen con más frecuencia [3].

Hoy en día, el objetivo de la sostenibilidad de la movilidad urbana impone fomentar el transporte público masivo y al mismo tiempo que éste sea eficaz y de alta calidad en términos de eficiencia energética e impacto ambiental [4]. El transporte masivo depende fuertemente de las condiciones de funcionamiento del motor [5]. Los diseñadores de sistemas de transporte tienen que prestar mucha atención a las estrategias de prueba y mantenimiento para lograr objetivos de disponibilidad con bajos costos del ciclo de vida útil [6]. El Sistema de Transporte Masivo consiste en la integración de una serie de medios de transporte que actúan conjuntamente para desplazar grandes cantidades de personas en lapsos cortos de tiempo [7].

Los motores diésel tienen muchas fuentes de vibración, incluyendo la quema de gas, asiento de la válvula, el pistón golpeando etc. Estas fuentes de vibración también podrían causar fallos mecánicos. Sin embargo, estas vibraciones son difíciles de separar, ya que su tiempo de respuesta es corto y esta superpuesto con señales de ruido [3].

La principal contribución de ruido del motor viene de frecuencias superiores a unos pocos cientos de Hertz. Sin embargo, los componentes de baja frecuencia pueden producir ruido estructural transmitido cuando el motor está instalado en su aplicación final. Es importante señalar que la velocidad del motor juega un papel importante en el ruido de la combustión. El aumento de la velocidad reduce el tiempo de ciclo del motor y provoca un aumento agudo en la presión de combustión, y como la estructura del motor es un radiador acústico, se aumenta el ruido [8].

Por tanto, el presente trabajo de grado busca dar respuesta a la pregunta de investigación de si es posible determinar una metodología para diagnosticar fallas en motores diésel, que permita hacer un mantenimiento preventivo con base en señales de vibración, para aumentar la eficiencia y vida útil de este tipo de motor.

1.2 JUSTIFICACIÓN

A la fecha del 2015 la empresa prestadora del servicio de transporte masivo en la ciudad de Pereira, Megabus, transporta un promedio de 100 mil pasajeros diarios, contando con un 47% de la cobertura en toda el área metropolitana. Un mejor plan de mantenimiento del vehículo asegura que este se hace correctamente y con prontitud. También debe mejorar la calidad del servicio [9]. Los sistemas de transporte masivo usualmente están bajo revisiones periódicas, donde se aplica mantenimiento preventivo, algunas veces correctivo, y hay una completa ausencia de mantenimiento predictivo. Una posible razón que obstaculiza la realización de mantenimiento es lo difícil que resulta su aplicación, haciendo imperativo encontrar formas alternas de monitoreo que justifiquen intervenciones basadas en la condición. Lo anterior alienta y justifica la necesidad de ahondar en técnicas no invasivas para la evaluación del estado de salud de estos motores [8]. Las prácticas de mantenimiento afectan directamente a la disponibilidad del equipo. Los altos niveles de mantenimiento llevan a una menor disponibilidad, pero aumentan la fiabilidad. Con poco mantenimiento, tanto la disponibilidad como la fiabilidad se disminuyen drásticamente [10].

La transformada de Fourier se adopta para generar la firma del motor diésel, calculada a partir de los armónicos. Esta firma representa la velocidad del motor [3]. Durante su funcionamiento, una gran cantidad de información sobre el proceso de la operación está contenida en las señales de vibración de la superficie del motor, que pueden ser analizados con la teoría fractal. Sin embargo. Las dimensiones de correlación de las señales de vibración de combustión pueden ser utilizadas para describir el estado de funcionamiento del motor diésel. Métodos basados en señales de vibración para el diagnóstico de la máquina, por lo general requieren una biblioteca de datos de ambas condiciones saludables y diversas condiciones defectuosas para el entrenamiento del modelo. Sin embargo, la entrada directa al modelo de clasificación es rara vez los datos en bruto. En la perspectiva del dominio del tiempo, dominio de la frecuencia, y el análisis de dominio tiempo-frecuencia, diferentes métodos se han probado para la búsqueda de características consistentes y distinguibles de la señal. Las características extraídas deben ser seleccionadas mediante la observación de cuales podrían funcionar mejor para diferenciar diversas condiciones de salud. Con el tiempo, las características seleccionadas deben ser alimentadas en un algoritmo de clasificación para realizar el diagnóstico de fallas [3].

En los últimos años, HMM se ha aplicado en el diagnóstico de fallos logrando un buen resultado. Como una nueva tecnología de identificación de modos de la fallas en maquinarias, que se basa principalmente en calcular la probabilidad de similitud entre la señal del diagnóstico y la señal de información [11].

Por tanto este proyecto busca realizar una metodología para caracterizar señales de vibración provenientes de motores diésel, usando los espacios de representación del Tiempo, Frecuencia y Tiempo-Frecuencia y Modelos Ocultos de Markov (HMM) como medio de entrenamiento de máquina.

1..3 OBJETIVOS

1..3.1 General

Establecer una metodología, usando cadenas ocultas de Markov (HMM) como sistema de entrenamiento, para obtener estados de representación que establezcan estados de salud en motores diésel para aplicaciones en transporte masivo, a partir de una base de datos de señales de vibración del bloque y soporte para este tipo de motor.

1..3.2 Específicos

1. Indagar las teorías relevantes y el estado del arte sobre los espacios de representación significativos para señales de vibración y con aplicación en motores Diésel. Igualmente, indagar sobre los Modelos Ocultos de Markov - HMM.
2. Realizar el pre-procesamiento (ventaneo, segmentación, filtrado, etc.).
3. Representar las señales usando características de tiempo, frecuencia y tiempo-frecuencia realizando Análisis de relevancia de las características.
4. Entrenar y validar usando HMM.
5. Con base a las señales de vibración estimar el estado de salud del motor diésel.

2 Parte II. MATERIALES Y MÉTODOS

2.1 MOTORES DIESEL

Estos motores se asemejan a los motores de gasolina, aunque con algunas diferencias, ver figura 1. los motores diésel encienden el combustible exclusivamente mediante el calor generado por la compresión y por tanto carecen de sistema de encendido exterior; los motores diésel aspiran solamente aire al llenar los cilindros, por lo tanto carecen de carburador; los motores diésel introducen en los cilindros bajo la forma de chorro pulverizado a alta presión, y por tanto utilizan una bomba de inyección de combustible [19].

Características	Motor diesel	Motor de gasolina
Sistema ignición ...	No tiene sistema de ignición visible	Tiene bujías de chispa Tiene bobina o magneto
Carburación	Los cilindros se llenan con aire sólo No tiene carburador	Tiene carburador para hacer la mezcla de aire y gasolina antes de entrar en el cilindro
Inyección combustible	Tiene bomba de inyección para dispersar el combustible dentro del cilindro a presión elevada Cada cilindro lleva un inyector	No tiene bomba de inyección ni inyectores en los cilindros

Figura 1: Diferencias entre un motor diésel y un motor de gasolina [19].

Los motores diésel destinados a vehículos de pasajeros son procesos de gran complejidad, y que a su vez se encuentran en continua evolución. El objetivo de esta rápida evolución es dar respuesta tanto a las nuevas necesidades de los conductores, como a las continuas restricciones de las autoridades competentes. Las necesidades de mejora impuestas por los usuarios se suelen agrupar en tres grandes características: alta potencia, bajo consumo y elasticidad en la conducción [19].

Características generales:

Estos motores funcionan con combustibles líquidos, menos volátiles y pesados que los combustibles usados en un motor de gasolina. Estos combustibles se obtienen del petróleo bruto (o crudos del petróleo), estos a su vez se distinguen principalmente por la volatilidad, o facilidad con que pueden pasar de estado líquido a vapor. Este motor es de combustión interna, es decir; queman el combustible en el interior de los cilindros. Muchos de estos motores funcionan con ciclos de cuatro tiempos: el pistón realiza una carrera de aspiración (descendente), una carrera de compresión (ascendente), una carrera motriz (descendente), y una carrera de escape (ascendente). Los motores diésel no tienen un sistema de encendido, no tiene bujías que reciban corriente de alta tensión procedente de un distribuidor, ni bobina, avance del encendido, batería o magneto. Ninguno de estos dispositivos es necesario, pues el encendido del combustible se lleva a cabo por simple contacto con el aire muy caliente que ha sido previamente comprimido a muy alta

presión dentro del cilindro. Un motor diésel aspira hacia el interior de cada uno de sus cilindros únicamente aire, comprimiéndolo durante la carrera de compresión antes de que el combustible penetre en el cilindro. La compresión en los motores diésel es muy superior a la compresión en los motores de gasolina, esta no está limitada por la posibilidad de pre-encendido, pues en los cilindros solo se comprime aire. Están dotados de bombas de combustible y toberas de inyección para introducir el gasoil en los cilindros en forma de chorro pulverizado.

Para una misma potencia los motores diésel son más pesados que los motores de gasolina, pues trabajan con presiones mayores, y por lo tanto sus piezas son más robustas.

El motor diésel constituye uno de los motores térmicos de mayor rendimiento, obtiene más energía del combustible que consume que cualquier otra máquina motriz. Su consumo de combustible es mucho menor al motor de gasolina y su combustible es relativamente económico en comparación con otras clases de motores térmicos. Ofrecen un buen rendimiento cuando trabaja a plena carga como cuando trabaja a carga reducida o media. Los motores diésel necesitan muy poca agua y cómo funcionan bien a temperaturas superiores a las normales, se pueden utilizar en regiones áridas. Un motor diésel puede ponerse en marcha instantáneamente y funcionar a plena carga en muy pocos minutos, por lo tanto este motor se usa para instalaciones de emergencia [20].

Por motor diésel se entiende el de émbolos alternativos con mezcla de gas interior heterogéneo y auto encendido. En el tiempo de compresión se comprime el aire entre 30 y 55 bar con lo que se calienta de 700 a 900 °C. Esta temperatura es suficiente para el auto encendido del combustible inyectado, se alcanza el punto muerto superior del embolo poco antes del final de la compresión. El ciclo de la combustión siguiente, así como la utilización del aire para el combustible aspirado y con ello la presión media alcanzable dependen decisivamente de la formación de la mezcla en los procesos heterogéneos [20].

2.2 VIBRACIONES

Se considera vibración a la oscilación o el movimiento repetitivo de un objeto alrededor de una posición de equilibrio. La posición de equilibrio es a la que llega cuando la fuerza que actúa sobre el sea cero. Este tipo de vibración se llama cuerpo entero, lo que quiere decir que todas las partes del cuerpo se mueven juntas en la misma dirección en cualquier momento.

Para que se produzca vibración en un objeto debe existir una fuerza de excitación la misma que puede aplicarse externamente al objeto o puede empezar dentro del mismo.

Señales de vibración:

La característica principal en una señal de vibración en el dominio del tiempo son las ondas sinusoidales. Estas ondas representan las oscilaciones puras y presentan amplitud y fase. La amplitud enfocada desde las vibraciones es la cantidad de movimiento de una masa partiendo desde una posición neutral [19]. La fase es la medida de tiempo entre la separación de dos señales vibratorias.

Se define a la señal de vibración mecánica como el movimiento oscilatorio de una máquina, de una estructura o de una parte de ella, alrededor de su posición de reposo original. Las características de la onda son: frecuencia, amplitud y fase, estas se expresan en la siguiente ecuación:

$$D(t) = D_0 \sin(2\pi ft + \Phi) \text{ (ec 2.1).}$$

Donde D_0 : desplazamiento máximo desplazamiento pico; f :frecuencia; Φ :fase; t :tiempo. Esta onda es medida a través de un transductor o sensor de vibraciones, ver figura 2.

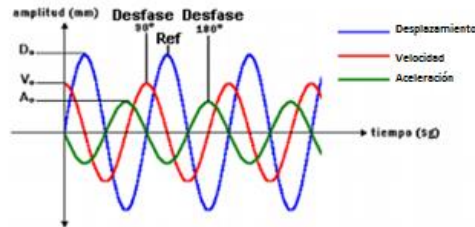


Figura 2: relación entre velocidad, aceleración y desplazamiento [19].

2.3 ALGORITMOS GENÉTICOS

Los algoritmos genéticos son procedimientos adaptativos para la búsqueda de soluciones en espacios complejos basados en el principio darwiniano de reproducción y supervivencia de los individuos que mejor se adaptan al entorno en el que viven [21]. A grandes rasgos un algoritmo genético consiste en una población de soluciones codificadas de forma similar a cromosomas. Cada uno de estos cromosomas tendrá asociado un ajuste, valor de bondad o fitness, que cuantifica su validez como solución al problema. En función de este valor se le dan más o menos oportunidades de reproducción. Además, con cierta probabilidad se realizan mutaciones de estos cromosomas. Este proceso hace posible que los individuos genéticos tiendan hacia las soluciones de un problema dado, aunque las condiciones del espacio de búsqueda varíen con el transcurso del tiempo [22].

Las dos estrategias de evolución mas empleadas son la $(\mu+\lambda)$ -ES y la (μ,λ) -ES. En la primera de ellas un total de μ padres producen λ descendientes, reduciéndose nuevamente la población a μ individuos. De esta manera los padres sobreviven hasta que son reemplazados por hijos menores que ellos. En la (μ,λ) -ES la descendencia se reemplaza directamente a los padres, sin hacer ningún tipo de comprobación [22].

Los individuos son máquinas de estado finito. Los individuos que mejor resuelven alguna de las funciones objetivo obtienen la oportunidad de reproducirse. Antes de producirse los cruces para generar la descendencia se realiza una mutación de los padres [22]. Donde un cromosoma es una cadena de bits que representa a cada individuo de la población, un gen es cada posición de la cadena y un alelo es el valor de un gen, ver figura 3.

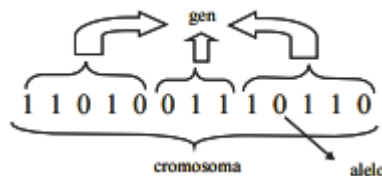


Figura 3: Codificación binaria de un individuo [22].

Para el paso de una generación a la siguiente se aplican una serie de operadores genéticos. Los más empleados son los operadores de selección, cruce, copia y mutación. Existen diferentes métodos de reemplazo:

- **Aleatorio:** el nuevo individuo se inserta para la nueva descendencia liberando el espacio ocupado por los padres.
- **Reemplazo de padres:** se obtiene espacio para la nueva descendencia liberando el espacio ocupado por los padres.
- **Reemplazo de similares:** Los procesos evolutivos tienen lugar durante la etapa de reproducción. Aunque existe una larga serie de mecanismos que afectan a la reproducción, los más comunes son la mutación, causante de que los cromosomas en la descendencia sean diferentes a los padres, y el cruce o recombinación, que combina los cromosomas de los padres para producir la descendencia [22].

El conjunto de los parámetros representado por un cromosoma en particular recibe el nombre de genotipo. El genotipo contiene la información necesaria para la construcción del individuo. Es decir, la solución real al problema, denominada fenotipo [22]. Los algoritmos genéticos trabajan sobre una población de individuos, cada uno de ellos representa una posible solución al problema que sea desea resolver. Todo individuo tiene asociado un ajuste de acuerdo al problema de la solución que representa. Una generación se obtiene a partir de la anterior por medio de los operadores de reproducción. Existen dos tipos:

2.3.1 Cruce:

Se genera una descendencia a partir del mismo número de individuos de la generación anterior. La idea principal del cruce se basa en que, si se toman individuos correctamente adaptados al medio y se obtiene una descendencia que comparta genes de ambos, existe la posibilidad de que los genes heredados sean precisamente los causantes de la bondad de los padres. Al compartir características buenas de dos individuos, la descendencia o parte de ella, debería de tener una bondad mayor que cada uno de los padres por separado. Si el cruce no agrupa las mejores características en uno de los hijos y la descendencia tiene un peor ajuste que los padres no significa que esté dando un paso atrás. El principal operador es el cruce, después de seleccionar a dos individuos como padres se selecciona un nodo al azar en el primero y otro en el segundo de forma que su intercambio no viole la restricción de población. El cruce de los padres se efectúa mediante el intercambio de conjuntos de cromosomas o también llamados árboles o subárboles seleccionados en ambos padres. A su vez hay varios tipos de cruce:

Cruce de un punto

Una vez seleccionados dos individuos se cortan sus cromosomas por un punto seleccionado aleatoriamente para generar dos segmentos diferenciados en cada uno de ellos: la cabeza y la cola: se intercambian las colas entre los individuos para generar los nuevos descendientes que heredan información genética de los padres.

Cruce de dos puntos

Es la generalización del cruce de un punto. En vez de cortar un único cromosoma de los padres, se realizan dos cortes. Debe tenerse en cuenta que ninguno de estos puntos de corte coincida con el extremo para que se originen los tres segmentos. Para generar descendencia se escoge el segmento central de uno de los padres y los segmentos laterales del otro padre, ver figura 4.

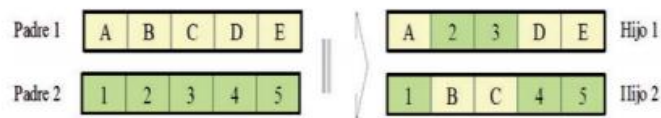


Figura 4: Cruce de dos puntos [22].

Cruce uniforme

Cada gen de descendencia tiene las mismas probabilidades de pertenecer a uno u otro padre. La técnica implica la generación de una máscara de cruce con valores binarios. Si en uno de las posiciones de la máscara hay un uno, el gen situado en esa posición en uno de los descendientes se copia del primer padre. Si por el contrario hay un cero el gen se copia del segundo padre. Para producir el segundo descendiente se intercambian los papeles de los padres, o bien se cambia la interpretación de los unos y los ceros de la máscara de cruce, ver figura 5.

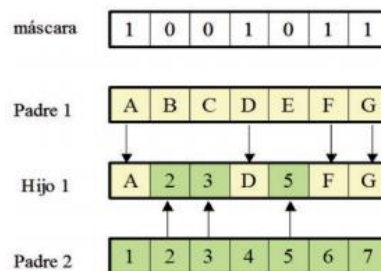


Figura 5: Cruce uniforme [22].

2.3.2 Copia

A diferencia del cruce, se trata de una reproducción asexual. Se trata simplemente de la copia de un individuo en la nueva generación. El porcentaje de copias de una generación a la siguiente es relativamente reducido, pues en caso contrario se corre el riesgo de una convergencia prematura de la población hacia ese individuo.

2.3.3 Mutación

La mutación de un individuo provoca que alguno de sus genes, generalmente sólo uno, varíe su valor de forma aleatoria. La mutación se suele usar de manera conjunta con el operador de cruce. Si el cruce tiene éxito entonces uno de los descendientes, o ambos, se mutan con cierta probabilidad. El operador de mutación provoca la variación de un árbol de la población. Este

operador suele usarse con probabilidad baja (menos del 1%) antes de introducir un individuo en la nueva generación. La operación de mutación sobre cada gen está dada por:

$$\bar{x} = \langle x_1, \dots, x_l \rangle \rightarrow \bar{x}' = \langle x'_1, \dots, x'_l \rangle \quad (\text{ec 2.2}).$$

$$x_i, x'_i \in [LB_i, UB_i]$$

Donde x_i es un gen elegido aleatoriamente, del intervalo $[LB_i, UB_i]$.

Para el correcto funcionamiento de un algoritmo genético se debe de poseer un método que indique si los individuos de la población representan o no buenas soluciones al problema planteado. Por lo tanto, para cada tipo de problema que se desea resolver deberá derivarse un nuevo método, al igual que ocurrirá con la codificación de individuos. De esto se encarga la función de evaluación que establece una medida numérica de bondad de una solución. Esta medida recibe el nombre de ajuste. El ajuste de un individuo es la probabilidad de que ese individuo sobreviva hasta la edad de reproducción y se reproduzca. Esta probabilidad deberá de estar ponderada con el número de individuos de la población genética. Esta medición se emplea para controlar la aplicación de los operadores genéticos, es decir controlar el número de selecciones, cruces copias y mutaciones llevadas a cabo. Se identifican cuatro tipos de ajuste o fitness:

Fitness puro

Es la medida de ajuste establecida en la terminología natural del propio problema. En los problemas de maximización, los individuos con un fitness puro elevado serán los más interesantes, en los problemas de minimización interesarán los individuos con un fitness puro reducido.

$$r(i, t) = \sum_{j=1}^{N_c} |s(i, j) - c(i, j)| \quad (\text{ec 2.3: fitness puro}).$$

Donde:

$r(i, t)$: bondad del individuo en la generación t .

$s(i, j)$: valor deseado para individuo i en el caso j .

$c(i, j)$: valor obtenido por el individuo i en el caso j .

N_c : número de casos.

Fitness estandarizado

Para solucionar esta dualidad ante problemas de minimización o maximización se modifica el ajuste puro de acuerdo a la siguiente ecuación:

$$s(i, t) = \begin{cases} r(i, t) & \text{minimización} \\ r_{\max} - r(i, t) & \text{maximización} \end{cases} \quad (\text{ec 2.4: fitness estandarizado}).$$

En el caso de problemas de minimización se emplea directamente la medida de fitness puro. Si el problema es de maximización se resta una cota superior r_{\max} del error de fitness puro. Empleando esta técnica la bondad de un individuo será menor cuanto más cercano este a cero el

valor del ajuste. Dentro de la generación t , un individuo i siempre será mejor que uno j si se verifica que $s(i, t) < s(j, t)$.

Fitness ajustado

Se obtiene aplicando la siguiente transformación al fitness estandarizado:

$$a(i, j) = \frac{1}{1+s(i, t)} \quad (\text{ec 2.5: fitness ajustado}).$$

De esta manera, el fitness ajustado toma valores en el intervalo $(0,1]$. Cuando más se aproxime el fitness ajustado de un individuo a 1 mayor será su bondad.

Fitness normalizado

El fitness normalizado introduce un nuevo aspecto: indica la bondad de una solución con respecto al resto de soluciones representadas en la población. Se obtiene de la siguiente forma (considerando una población de tamaño M):

$$n(i, t) = \frac{a(i, t)}{\sum_{k=1}^M a(k, t)} \quad (\text{ec 2.6: fitness normalizado}).$$

Siempre toma valores entre $[0,1]$, con mejores individuos cuanto más próximo este a la unidad. Un valor cercano a 1 no solo indica que ese individuo represente una buena solución al problema, sino que además es una solución mejor que las proporcionadas por el resto de la población. La suma de los valores de fitness normalizado de una población da siempre 1 [22].

2.3.4 Esquema básico del Algoritmo Genético

El algoritmo se inicia con un conjunto de soluciones (representado por cromosomas) que se llama población inicial. Soluciones de una población se toman y se utilizan para formar una nueva población. Esto está motivado por una esperanza, que la nueva población será mejor que la anterior. Las soluciones que se seleccionan para formar nuevas soluciones (descendencia) se seleccionan en función de las más adecuadas según un criterio de optimización. Esto se repite hasta que una cierta condición (por ejemplo número de generación o mejora de la mejor solución) [23]. Los pasos generales del algoritmo genético son los siguientes y se muestran en la figura 6.

1. [Inicio] Generar población aleatoria de n cromosomas (soluciones adecuadas para el problema).
2. [Fitness] evaluar la aptitud $f(x)$ de cada cromosoma en la población.
3. [Nueva población] Crear una nueva población mediante la repetición de los pasos siguientes hasta que la nueva población se ha completado.
4. [Selección] Seleccione dos cromosomas de los padres de una población en función de su estado físico (el mejor estado físico, la mayor posibilidad de ser seleccionados).

5. [Crossover] Con una cruz probabilidad de cruce en los cromosomas de los padres para formar un nuevo descendientes (hijos). Si no se realizó un cruce, la descendencia es una copia exacta de los padres.
6. [Mutación] Con una probabilidad de mutación mutar nuevas crías.
7. [Aceptar] Coloque nuevas crías en una nueva población.
8. [Reemplazar] Use nueva población generada por un plazo adicional de algoritmo.
9. [Test] Si se cumple la condición final, detener y devolver la mejor solución en la población actual.
10. [Loop] Vaya al paso 2 [23].

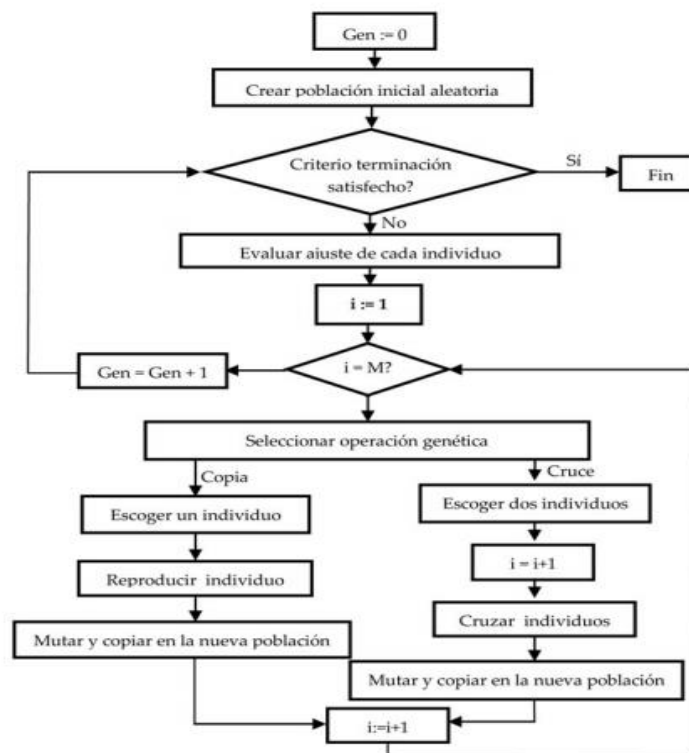


Figura 6: Diagrama de flujo de la programación genética [23].

2.4 CADENAS OCULTAS DE MARKOV (HMM)

Una cadena de Markov es un proceso aleatorio $\theta(t)$ que puede tomar una cantidad finita k de valores discretos dentro del conjunto $\{\theta_1, \dots, \theta_k\}$, tal que en los momentos determinados del tiempo ($t_0 < t_1 < t_2 < \dots$) los valores del proceso aleatorio cambien (con probabilidades de cambio conocidas), esto es, se efectúan los cambios en forma de secuencia aleatoria $\theta_0 \rightarrow \theta_1 \rightarrow \theta_2, \dots$, siendo $\theta_n = \theta(t_n)$ el valor de la secuencia después del intervalo n de tiempo. Las cadenas ocultas de Markov asumen una cantidad finita de valores discretos o estados para la representación de una señal aleatoria. En particular, cada estado de manera directa se asocia a un evento físico

observable. Sin embargo, en la práctica, se tienen aplicaciones con señales que no representan de forma evidente los eventos sobre los cuales se construye el modelo. En este sentido, se construye un modelo probabilístico sobre los estados no observables u ocultos. Las cadenas construidas por este principio, corresponden a un proceso estocástico doble incrustado; la función probabilística de los estados ocultos y el mismo modelo de aleatorio de Markov impuesto sobre la señal [24].

Los modelos ocultos de Markov (hidden Markov models-HMM) han sido empleados con éxito en el modelado de secuencias temporales. Cuando se emplean HMM para hacer reconocimiento de patrones, el enfoque estándar de clasificación consiste en entrenar un HMM por cada clase y luego emplear los HMM como funciones de probabilidad de clase condicional en el paradigma clásico de clasificación bayesiano. Si se asume que las clases tienen a priori iguales, la categoría de una secuencia desconocida se determina como aquella cuyo modelo entrega la probabilidad más alta de haber generado esa secuencia. Esta regla de clasificación se conoce como la regla máxima verosimilitud (maximum likelihood- ML).

La forma convencional de representar los objetos de un problema de reconocimiento de patrones es mediante el empleo de vectores de características, sin embargo en algunos casos obtener una descripción, apropiada de los objetos en términos de características es difícil ineficiente para el aprendizaje de los parámetros del clasificador [25].

Un HMM es básicamente una cadena de Markov donde la observación de salida es una variable aleatoria generada de acuerdo a una función de probabilidad asociada a cada estado. Está definido por una matriz A , la matriz de transición de probabilidades, la matriz B , matriz de probabilidad de salida y el vector π , que representa la distribución inicial de los estados, se usa la notación $\lambda = (A, B, \pi)$ para indicar el conjunto total de parámetros de un HMM [25]. Los tres problemas básicos que deben ser resueltos por las HMM son:

- **Problema 1:** dada una secuencia de observación $o = (o_1, o_2, \dots, o_r)$ y un modelo $\lambda = (A, B, \pi)$, como podemos calcular eficientemente $P(O|\lambda)$, la probabilidad de la secuencia de observación producida por el modelo.
- **Problema 2:** dada la secuencia de observación $o = (o_1, o_2, \dots, o_r)$ y el modelo λ , como seleccionemos una secuencia de estados correspondiente $Q = (q_1, q_2, \dots, q_r)$ que sea óptima en algún sentido.
- **Problema 3:** como ajustar los modelos de los parámetros $\lambda = (A, B, \pi)$ para maximizar $P(O|\lambda)$. En este problema intentamos optimizar los parámetros del modelo para describir de mejor forma como se construye una secuencia de observación dada. La secuencia de observación usada para ajustar los parámetros del modelo se llamada la secuencia de entrenamiento porque es usada para entrenar el HMM; porque nos permite adaptar de manera óptima los parámetros del modelo que son observados durante el entrenamiento de datos [26]. Este consta de 5 elementos para su construcción los cuales son:
 - **El número de estados en el modelo N :** aunque los estados en los que se encuentra el sistema modelado se consideran ocultos, para muchas aplicaciones prácticas existe alguna significación física asociada a los estados del sistema. Generalmente los estados están interconectados de tal manera que cualquier estado puede ser alcanzado desde cualquier

otro. Todos los estados serán denotados como $\mathcal{S} = \{S_1, S_2, \dots, S_N\}$ y el estado en el instante t como q_t .

- **El número de símbolos de observación distintos por estado M :** es de tamaño discreto del modelo. Sus símbolos corresponden usualmente a la salida “física” u observable del sistema modelado. Se denotan los símbolos como $V = \{v_1, v_2, \dots, v_m\}$, y su cantidad de símbolos observables como M .
- **La distribución de probabilidad de transición $A = \{a_{ij}\}$:** representada por una matriz en donde: $A = \{a_{ij}\} = (q_{t+1} = S_j | q_t = S_i)$.
- **La distribución de probabilidad de observación de símbolos $B = \{b_j(k)\}$:** representa la probabilidad de observar el símbolo k estando en el estado j donde: $B = \{b_j(k)\} = P(v_{kt} | q_t = S_j)$, $1 \leq j \leq N$, $1 \leq k \leq M$.
- **La distribución inicial π Representa el estado inicial del sistema modelado, donde:** $\pi = \{\pi_i\} = (q_1 = S_i) 1 \leq i \leq N$ [13].

Problemas de entrenamiento y evaluación de las HMM

Una vez el número de ejemplos por categoría de salud se determinan, los datos son entrenados y guardados en vectores, el cual contiene para cada ejemplo a entrenar, las características que serán la entrada al HMM. Cuando se utilizan muchos ejemplos por categoría, es inevitable que algunas de las categorías tengan menos ejemplos que otras, haciendo difícil de aprender dichas categorías. Esta dificultad se presenta debido al factor de que hay muchos más ejemplos negativos que ejemplos positivos para categorías esparcidas. El número de iteraciones en el entrenamiento usualmente es de 20 a 30 iteraciones para alcanzar el mejor desempeño [27].

Usando un criterio de selección de variables, la dimensionalidad de los estados puede reducirse sin perder información útil, y al mismo tiempo la información compuesta por ruido se minimiza. En conclusión, para estar seguro de que los resultados obtenidos sean buenos es necesario seleccionar cuidadosamente las variables (parámetros) que se utilizan junto a los algoritmos de reconocimiento de patrones que se deseen aplicar.

La selección de variables encierra un conjunto de técnicas de reducción de dimensionalidad de los datos a procesar. La meta de la selección de variables es encontrar un subconjunto óptimo de variables que minimice la pérdida de información y maximice la reducción de ruido. La estrategia más común consiste en evaluar cada variable individualmente y seleccionar aquellas variables que aportan mayor calidad. Sin embargo este método ignora la redundancia entre variables y raramente encuentra un conjunto óptimo y también resulta ser impráctico ya que por lo general implica investigar una cantidad casi infinita de combinaciones que requeriría un tiempo de cálculo inasumible en la mayoría de aplicaciones [29]. El problema de evaluación consiste en calcular $P(O|\lambda)$. la forma más eficiente es mediante el uso de la variable de “forward”. Esta define como la probabilidad de que ocurra una determinada secuencia parcial de observaciones hasta el tiempo t , y se este en el estado S_i en el tiempo t . o sea:

$$\alpha_t(i) = P(O_1, O_2, \dots, O_{T, q_t} | S_i | \lambda) \quad (\text{ec 2.7}).$$

La variable $\alpha_t(i)$ se calcula recursivamente de la siguiente forma:

$$\alpha_1(i) = \pi_i b_i(O_1), \quad 1 \leq i \leq N$$

$$\alpha_{t+1}(i) = (\sum_{j=1}^N \alpha_t(j) a_{ij}) b_i(O_{t+1}) \quad 1 \leq t \leq T-1 \quad \text{y} \quad 1 \leq i \leq N \quad (\text{ec 2.8}).$$

Así, para calcular $P(O|\lambda)$ basta simplemente con sumar los $\alpha_T(i)$ para todos los estados del modelo, o sea que:

$$P(O|\lambda) = \sum_{i=1}^N \alpha_T(i) \quad (\text{ec 2.9}).$$

La variable de “backward” se define como la probabilidad de que se produzca una determinada secuencia parcial de observaciones desde el tiempo $t+1$ hasta el final, dado el estado S_i en el tiempo t , y el modelo λ . O sea:

$$\beta_t(i) = P(O_{t+1}, O_{t+2}, \dots, O_T | q_t = S_i, \lambda) \quad (\text{ec 2.10}).$$

Al igual que la variable de forward, la variable de backward se calcula:

$$\beta_T(i) = 1, \quad 1 \leq i \leq N$$

$$\beta_t(i) = (\sum_{j=1}^N a_{ij} b_j(O_{t+1}) \beta_{t+1}(j)) \quad 1 \leq t \leq T-1, T-2, \dots, 1 \quad \text{y} \quad 1 \leq i \leq N \quad (\text{ec 2.10}).$$

Con base a estas variables de forward y backward podemos definir la probabilidad de estar en el estado S_i en el momento t dada una secuencia de observaciones y un modelo, o sea:

$$Y_t(i) = P(q_t = S_i | O, \lambda)$$

$$Y_t = \frac{\alpha_t(i) \beta_t(i)}{P(O|\lambda)} \quad (\text{ec 2.11}).$$

También se define la probabilidad de estar en el estado S_i en el momento t y en el estado S_j en el momento $t+1$ dada una secuencia de observaciones y un modelo, o sea:

$$\xi_t(i, j) = P(q_t = S_i, q_{t+1} = S_j | O, \lambda)$$

Que se calcula de la siguiente manera:

$$\xi_t(i, j) = \frac{\alpha_t(i) a_{ij} b_j(O_{t+1}) \beta_{t+1}(j)}{P(O|\lambda)} \quad (\text{ec 2.12}).$$

Con base a estas variables es que podemos ajustar los parámetros de un HMM. Sea $\lambda = (A, B, \pi)$, el modelo que se desea entrenar y $\bar{\lambda} = (\bar{A}, \bar{B}, \bar{\pi})$, el modelo entrenado. Así, tenemos que:

$\bar{\pi}_i$: frecuencia esperada (cantidad de veces) en el estado S_i cuando t es 1, o sea:

$$\bar{\pi}_i = Y_1(i) \quad (\text{ec 2.13}).$$

\bar{a}_{ij} : la cantidad esperada de transiciones desde el estado S_i al estado S_j dividido la cantidad esperada de transiciones desde el estado S_i , o sea:

$$\overline{a_{ij}} = \frac{\sum_{t=1}^{T-1} \xi_t(i,j)}{\sum_{t=1}^{T-1} Y_t(i)} \quad (\text{ec 2.14}).$$

$\overline{b_j}$: la cantidad esperada de veces en el estado S_j , y que se observe el símbolo V_k , dividido la cantidad esperada de veces en el estado S_j , o sea:

$$\overline{b_j} = \frac{\sum_{t=1}^{T-1} \sum_{s.a} Y_t(i)}{\sum_{t=1}^{T-1} Y_t(i)} \quad (\text{ec 2.15}).$$

Si se repite este proceso de reestimación de los parámetros, sustituyendo a λ por $\bar{\lambda}$, entonces, se mejora la probabilidad de que la secuencia O sea observada (a partir del modelo), hasta que se alcance un determinado punto crítico en el que no hay mas “mejoras”. En aquellos casos en los que $\pi_i=1$ y $\pi_i=0$ para todo i entonces la reestimación de la distribución de probabilidades no sería necesaria [28].

2.5 ESPACIOS DE REPRESENTACIÓN

En el procesamiento de señales se pueden encontrar diferentes tipos de señales estacionarias y no estacionarias. Las primeras son localizadas en el tiempo, ya que su frecuencia no varía, este tipo de ondas son estudiadas por medio del análisis de Fourier, que permite su descomposición en términos de sus componentes sinusoidales, es decir, transforma la señal de la base de tiempo a la base de frecuencia y de igual manera permite el paso del dominio de la frecuencia al dominio del tiempo, sin embargo en este último se pierde información necesaria, que por ser de carácter estacionario, no resulta relevante. En el caso de las señales con comportamiento no estacionario, es decir, aquellas señales cuya frecuencia varía en el tiempo, al tener la señal producto de la transformada de Fourier resulta imposible realizar el paso al dominio del tiempo porque no permite determinar en qué momento se presenta un cambio de frecuencia [22].

Surge la necesidad de contar con una representación localizada en el tiempo y la frecuencia, por la desventaja en el análisis de Fourier. El uso de la STFT (short time Fourier transform), que consiste en analizar una pequeña sección de la señal a través de una ventana de longitud fija, llevando la información contenida en este pequeño intervalo del dominio del tiempo y frecuencia, donde se puede conocer cuándo y a qué frecuencia ocurre el suceso [22]. Las señales pueden representarse de diversas maneras, considerándolas vectores y utilizando distintas bases de espacios vectoriales. Los espacios de representación está constituido proceso de modelamiento de la señal bajo una variable espacial determinada, este procesamiento de la señal es de suma importancia ya que determinan los parámetros bases para el desarrollo de estudio de características del modelo. La representación temporal usual usa la base canónica. Otra representación fundamental es la frecuencia, obtenida por medio de la transformada de Fourier, y que utiliza una base formada por senos y cosenos de distintas frecuencias. A continuación se muestran los diferentes espacios de representación [22].

2..5.1 Tiempo (T)

es la representación más natural de una señal de vibración que puede ser analizada como una suma de funciones seno con distintas señal proveniente del sistema, la cual la compone frecuencias (f_i), amplitudes () y fases (ϕ_i), donde cada mecanismo en particular está representado por una senoide.

$$(t) = \sum_i A_i \sin(2\pi f_i t + \phi_i) \quad (\text{ec 2.16}).$$

El subíndice (i) representa cada elemento que hace parte de la máquina. Cuando se pasa del dominio temporal a otro espacio de representación, se hace necesario el empleo de funciones ortogonales que permitan transformar la señal(t) a otro espacio de representación.

2..5.2 Frecuencia (F)

la representación en el dominio de la frecuencia es ideal para las señales de vibración por su naturaleza misma. Para ello se emplea la gráfica de amplitud frente a frecuencia que es conocida con el nombre de espectro. Esta es la mejor herramienta que se tiene actualmente para el análisis de maquinaria. Fue precisamente el matemático francés Jean Baptiste Fourier quien encontró la forma de representar una señal compleja en el dominio del tiempo por medio de series de curvas sinusoidales con valores de amplitud y frecuencia específicos. Entonces lo que hace un analizador de espectros que trabaja con la transformada rápida de Fourier es capturar una señal de una máquina, calcular todas las series de señales sinusoidales que contiene la señal compleja y por último mostrarlas de forma individual en una gráfica de espectro. Pero para calcular la densidad espectral de potencia se requiere el uso de transformadas como FFT, donde la señal resultante, es un conjunto de componentes de frecuencia que comprende un rango desde la frecuencia 0 hasta $f_s/2$, donde f_s es la frecuencia de muestreo de la señal. Lo anterior es definido mediante el teorema de Nyquist [22], el cual dice que una señal discreta en tiempo será bien representada si la frecuencia de muestreo es igual o superior a la frecuencia máxima del sistema. Para llevar la señal en el tiempo al dominio espectral, en este trabajo, es empleada la FFT. A continuación veremos unos conceptos básicos para la representación en el dominio del tiempo.

2..5.3 Tiempo-frecuencia

Una representación TF consiste en una superficie tridimensional cuyos ejes son el tiempo y la frecuencia. Además en la que cada par t-f se dispone de un valor de amplitud al que se le puede llamar energía del punto. Con estos puntos sirve para conocer la forma de la señal en el plano TF y obtener el valor de la concentración de intensidad en cada punto de la distribución global para apreciarla evolución de dicha amplitud tanto en el tiempo como en la frecuencia, aprovechando r las características producidas por la concentración de la energía en dos dimensiones (tiempo y frecuencia) en vez de solo una (tiempo o frecuencia) Las transformaciones TF se distribuyen en paramétricas y no paramétricas.

- Paramétricas: son las que utilizan la información de la señal junto con modelos de regresión para obtener el mapa 2D.
- No paramétricas: son aquellas que realizan una transformación de la señal por tramos, mediante ventanas de selección [13].

2.5.4 Coeficientes cepstrales (M):

mel-frequency cepstral coefficient (MFCC): es una representación definida como los cepstrum reales de una señal ventaneada a corto tiempo obtenida mediante la transformada rápida de Fourier (FFT). La diferencia de los MFCC con los cepstrum reales es que se usan en una escala no lineal de frecuencia. Los MFCC se consideran como una aproximación al comportamiento auditivo humano. El sistema auditivo funciona como un banco de filtros en las que el módulo de amplitud decae exponencialmente, y las frecuencias centrales de cada filtro están espaciadas de forma creciente y logarítmica. Los MFCC intentan emular este comportamiento mediante un banco de filtro que usa la escala Mel para la determinación de las frecuencias centrales de cada filtro. La energía que pasa por cada filtro corresponde a cada MFCC de la señal [30]. Una gran ventaja de los MFCC es que constituyen una transformación homomorfica, de forma que, en teoría las convoluciones y efectos de filtrado en el dominio temporal se convierten en sumas en el dominio espectral [30]. La escala de Mel es una escala logarítmica de frecuencias basada en la percepción humana del pitch. Los intervalos iguales en unidades Mel corresponden a intervalos iguales a los del pitch (tono). Para poder convertir una frecuencia f en hercios a una frecuencia m en escala Mel, se aplica la siguiente ecuación [30]:

$$m = 1127 * \log_e \left(1 + \frac{f}{700} \right) \text{ (ec 2.17: escala de mel).}$$

De igual manera se obtiene la inversa de la ecuación anterior despejando f en función de m , así se tiene:

$$f = 700 * \left(e^{\frac{m}{1127}} - 1 \right) \text{ (ec 2.18: inversa de la escala de mel).}$$

3 Parte III. RESULTADOS, DISCUSIÓN Y CONCLUSIONES

3.1 MARCO EXPERIMENTAL

3.1.1 *Preprocesamiento de señal*

3.1.1.1 Segmentación

las señales de vibración son procesos estocásticos; es decir, sus variaciones en el tiempo son aleatorias. Para poder representar las características de una señal de vibración, es necesario realizar una representación en segmentos de dicha señal, esto sugiere que se pueden tomar segmentos cortos de la señal, de manera que se pueda asumir estacionalidad en estos para desarrollar los cálculos de las características de la señal de vibración en tramos [13].

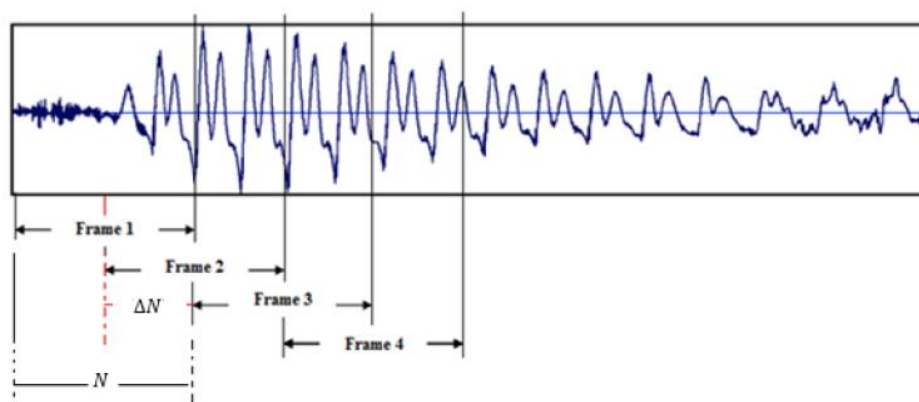


Figura 7: Segmentación de la señal de vibración [13].

La figura 7 es una segmentación de una señal de vibración en tramos. Donde N : es el número de muestras y ΔN para este caso, es igual a la mitad del número de muestras (N), donde el primer tramo contiene las primeras N muestras, el segundo tramo empieza ΔN muestras después de la primera y se solapa $N - \Delta N$ las muestras y así sucesivamente. Se debe tener en cuenta la duración de los tramos y la separación entre tramos adyacentes; es decir, N y ΔN . Con respecto a la relación de estos dos aspectos se pueden presentar tres situaciones:

- Si $N \leq \Delta N$ se enmascararan las muestras contiguas y el espectro resultante estará correlacionada trama a trama.
- Si $N \ll \Delta N$ la estimación espectral estará demasiado suavizada.
- Si $N > \Delta N$ no existirá solapamiento entre tramas adyacentes, perdiéndose parte de la señal de vibración y la correlación entre tramas adyacentes; por lo tanto, la estimación espectral resultante contendrá una componente ruidosa cuya magnitud crecerá con N [13].

3.1.1.2 Ventanas

las ventanas son funciones matemáticas usadas con frecuencia en el análisis y el procesamiento de señales para evitar las discontinuidades al principio y al final de los bloques analizados. En el procesamiento de señales, una ventana se utiliza cuando nos interesa una señal de longitud voluntariamente limitada. Una señal real tiene que ser de tiempo finito; también, un cálculo es posible a partir de un número finito de puntos. Para observar una señal en un tiempo finito, se multiplica por una función ventana. La más simple es la ventana rectangular y se define como:

$$h(t) = \begin{cases} v(n) & \text{si } t \in [0 T] \\ 0 & \text{resto} \end{cases} \quad (\text{ec 3.1}).$$

Al aplicar una ventana sobre una señal, esta afecta el espectro de la señal original. La aplicación de una ventana es equivalente a una convolución en la frecuencia de los espectros de la ventana y la señal. El ancho del lóbulo principal del espectro de una ventana es una característica relevante de la ventana. La resolución en frecuencia de la señal a la que se le aplica la ventana es limitada por el ancho del lóbulo principal [13].

A la hora de escoger una ventana en particular, se requiere conocer sus características primero. La forma del lóbulo principal está determinada por la medida de ancho en -3dB y -6dB del pico del lóbulo principal. Los lóbulos laterales son determinados por el nivel máximo del lóbulo lateral y su tasa de disminución. El nivel máximo del lóbulo lateral es el mayor nivel de lóbulo lateral en dB relativo al pico de ganancia del lóbulo principal. La tasa de disminución es la tasa de caída asintótica en dB por década de frecuencia de los picos de los lóbulos laterales [13].

Windows	Ancho en -3 dB del lóbulo Principal	Ancho en -6 dB del lóbulo Principal	Maximo Nivel del lóbulo lateral (dB)	del Lobulo Lateral (dB/decada)
Rectangular	0,88	1,21	-13	20
Bartlett	1,28	1,74	-27	40
Hanning	1,44	2	-32	60
Hamming	1,3	1,81	-43	20
Blackman-Harris	1,62	2,27	-71	20
Exact Blackman	1,61	2,25	-67	20
Blackman	1,64	2,3	-58	60
Flat Top	2,94	3,56	-44	20

Tabla. 1: Características de algunos tipos de ventanas [13].

Existen muchas funciones de ventanas, entre ellas la rectangular, la Hamming, Hamming Blackman, Bartlett y Kaiser. En el procesamiento de señales de vibración, se usa la ventana Hamming por tener mejor respuesta frente al sistema [13].

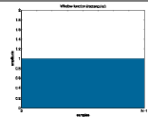
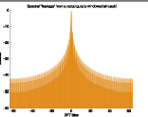
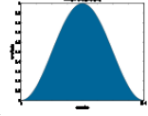
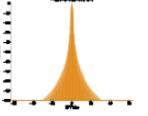
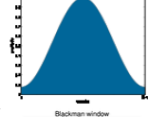
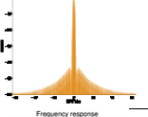
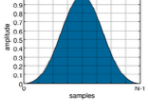
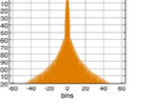
		Rectangular $v(n) = 1(2.3.2)$
		Hann $v(n) = a_0 - a_1 \cos\left(\frac{2\pi n}{N-1}\right)(2.3.3)$ $a_0 = 0,5 \quad a_1 = 0,5$
		Hamming $v(n) = a_0 - a_1 \cos\left(\frac{2\pi n}{N-1}\right)(2.3.4)$ $a_0 = 0,53836 \quad a_1 = 0,46164$
		Blackman $v(n) = a_0 - a_1 \cos\left(\frac{2\pi n}{N-1}\right) + a_2 \cos\left(\frac{4\pi n}{N-1}\right)(2.3.5)$ $a_0 = 0,42 \quad a_1 = 0,5 \quad a_2 = 0,08$

Tabla. 2: Tipos de ventanas más usadas [13].

En este trabajo se realiza segmentación y ventaneo de la señal empleando una ventana Hamming. La base de datos empleada es la del Bearing Data Center del Case Western Reserve University. Esta base de datos contiene las siguientes diez carpetas A1, A2, A3, B1, B2, B3, Normal, C1, C2, C3, donde corresponden a fallos diez estados de salud del motor diesel. Las señales de la base de datos están muestreadas a 12k muestras/s.

3..1.1.3 Normalización:

se utiliza para ajustar los datos de una distribución cualquiera a una distribución normal. Se cambia la forma de la distribución original manteniendo la proporción de casos entre valores contiguos [35].

z-score

La normalización por z-score indica la distancia de cada valor natural con respecto a la media aritmética, en términos de la desviación estándar puede explicarse, puede explicarse también como el número de desviaciones estándar superiores o inferiores a la media aritmética de todos los valores aritméticos [31]; es decir, la normalización z-score sirve para ajustar los datos de observaciones lo mejor posible a la media, dada la desviación estándar de la población [35].

La normalización z-score se define:

$$y' = \frac{y - \mu}{\sigma} \text{ (ec 3.2).}$$

Donde

- y : representa el dato de la población bajo ajuste.
- μ : es la media de la población.
- σ : es la desviación estándar de la población.

3.1.1.4 Filtrado antialiasing:

En general el Aliasing, es un error que se produce en la reconstrucción de una señal análoga, una vez que ha sido digitalizada, por cuanto es muy difícil determinar la frecuencia de las señales que se presentaran en la entrada del sistema de un sistema de adquisición de datos [32].

Por lo general un sistema de adquisición de datos trabaja a una frecuencia de muestreo fija y se determina únicamente para las señales esperadas, es en ese instante donde se presenta el Aliasing, este se manifiesta como una o varias reflexiones de aquellas proporciones de señal útil, que se encuentran por encima de la frecuencia de muestreo $F_s/2$ [32].

Cuando se aplica una transformación espacial, si son descartados intervalos completos de la señal, pueden ser recuperados por medio de una interpolación si varia de forma suave. Sin embargo, si los intervalos descartados son lo suficientemente complejos, el proceso de interpolación puede resultar deficiente y por ende la información será irrecuperable. En este caso se dice que la señal o imagen de entrada ha sido sub-muestreada y cualquier intento de reconstrucción dará origen a distorsiones o aliasing. Estas distorsiones son causadas por altas frecuencias no reproducibles, aparecen en forma de bordes escalonados o patrones de Moiré.

El filtrado para contrarrestar estos efectos es llamado antialiasing y se fundamenta en los principios establecidos por la teoría del muestreo [33].

El filtro antialiasing, es en general un filtro pasa bajas, cuya respuesta debe ser máximamente plana, tanto en la frecuencia de esquina relacionada con la banda de paso, y en la banda de atenuación, es decir que el rizado en estas señales debe ser mínimo. Estos filtros reducen las señales reflejadas o sobrepuestas a la señal fundamental y respuesta obtenida posee una resolución y muestreo apropiado en la banda de interés.

Para realizar un filtro antialiasing se definen los siguientes pasos:

- Se establece el número de bits del sistema (N).
- Se calcula la relación señal a ruido (SNR : signal noise relation).

$$SNR=6.02*N+1.76dB \text{ (ec 3.3).}$$

El cual es el valor máximo de la atenuación de la señal en la banda de atenuación.

- Determinar la banda de interés B_{in}

$$B_{in}=Nh*F_0 \text{ (ec 3.4).}$$

Donde Nh es el numero de armónicos y F_0 es la frecuencia fundamental.

- Se establece la frecuencia de muestreo F_s y por consideraciones practicas

$$F_s=10*B_{in} \text{ (ec 3.5).}$$

- Se establece la banda de atenuación: $F_s/2$.

Para este trabajo lasa base de datos tienen filtro antialiasing y están normalizadas por z-score

3.1.2 Caracterización

La etapa de estimación de características consiste en calcular y agrupar las cualidades de las señales de vibración con el fin de crear una representación manejable y significativa de la señal de vibración original, que permita maximizar el éxito potencial de la fase de clasificación y a su vez el rendimiento del sistema [13]. Esta etapa extrae la información útil y comprimiendo los datos que representa una señal sin pérdida de información relevante [13]. En este trabajo se realiza la caracterización de la siguiente manera:

En tiempo (T), se emplean un total de 17 características, numeradas así:

Media (T1)

$$T1 = \frac{\sum_{n=1}^N x(n)}{N} \quad (\text{ec 3.6}).$$

Desviación estándar (T2)

Es considerado como el segundo momento estadístico de una señal. Sirve para cuantificar el grado de variabilidad y dispersión que presentan las amplitudes con respecto al valor medio.

$$T2 = \sqrt{\frac{\sum_{n=1}^N (x(n) - Vm)^2}{N-1}} \quad (\text{ec 3.7}).$$

Donde el valor medio se calcula:

$$Vm = \frac{\sum_{n=1}^N x(n)}{N} \quad (\text{ec 3.8}).$$

Asimetría (T3)

$$T3 = \frac{\sum_{n=1}^N (x(n) - T1)^3}{N(\sqrt{T2})^3} \quad (\text{ec 3.9}).$$

Kurtosis (T4)

$$T4 = \frac{\sum_{n=1}^N (x(k) - T1)^4}{N(\sqrt{T2})^3} \quad (\text{ec 3.10}).$$

Pico positivo máximo (T5)

Es el nivel máximo de la señal adquirida, es utilizado como el monitoreo de la variación de los niveles de impulsividad, propiciado por impulsos que alimentan de forma gradual la falla.

$$T5 = \max|x(n)| \quad (\text{ec 3.11}).$$

Raíz media cuadrática (T6)

El valor rms de una señal de vibración, representa un promedio del nivel de vibración en el rodamiento, permite estimar el grado de severidad de una falla cuando se censa un valor y se

compara con datos de referencia establecidos previamente en rodamientos sin falla. Realizando medidas periódicas permite visualizar tendencias que facilitan la evaluación de la condición del rodamiento.

$$T6 = \sqrt{\frac{\sum_{n=1}^N (x(n))^2}{N}} \text{ (ec 3.12).}$$

Factor de forma (T7)

Es la relación entre el valor rms y la media de la magnitud de la señal $x(n)$. este parámetro permite conocer el valor rms con el fin de minimizar la imprecisión que se crea en el momento de tomar los datos.

$$T8 = \frac{RMS}{\frac{1}{N} \sum_{n=1}^N |x(n)|} \text{ (ec 3.13).}$$

Factor k (T9)

Es un parámetro muy sensible a los impactos, caracterizado por la relación de proporcionalidad existente entre el factor k (K), los valores rms, y el valor del pico máximo (Pv); es decir, en caso de una disminución, aumento en el valor rms o el valor pico, el factor k disminuirá o aumentará de igual manera.

$$T9 = Pv * RMS \text{ (ec 3.14).}$$

Valor rootvalue (T10)

Es un valor equivalente al cociente entre el nivel máximo de la señal y el factor de holgura.

$$T10 = \left(\frac{\sum_{n=1}^N \sqrt{|x(n)|}}{N} \right)^2 \text{ (ec 3.15).}$$

Histogram upper bound (T11)

Proporciona un panorama generalizado de los valores demarcados en el extremo superior de un conjunto de muestras; permite evidenciar mas fácilmente ciertas preferencias, tendencias, esquemas de comportamiento y pautas de variación de algún valor asociado.

$$T11 = \max(x(n)) + 0.3 * \left(\frac{\max(x(n)) - \min(x(n))}{N-1} \right) \text{ (ec 3.16).}$$

Histogram lower bound (T12)

De la misma manera como ocurre con el límite superior del histograma; este permite evidenciar comportamientos, variabilidades, tendencias y valores atípicos relacionados con una falla, que se encuentran acotados en el extremo inferior de un conjunto de muestras.

$$T12 = \min(x(n)) - 0.3 * \left(\frac{\max(x(n)) - \min(x(n))}{N-1} \right) \text{ (ec 3.17).}$$

Normal negative log-likelihood value (T13)

Es utilizado como parámetro de entrada junto con las características anteriormente definidas.

$$T13 = -\sum_{n=1}^N \log(\text{Normalpdf}(f(x_i, \mu, \sigma))) \quad (\text{ec 3.18}).$$

Para calcular la función de probabilidad se emplea

$$\text{Normalpdf}(f(x_i, \mu, \sigma)) = \frac{1}{\sigma\sqrt{2\pi}} e^{\frac{-1}{2}\left(\frac{x_i - \mu}{\sigma}\right)^2} \quad (\text{ec 3.19}).$$

Donde μ y σ son la media y la desviación estándar respectivamente.

Entropía de Shannon (T14)

Es una característica que usualmente es conocida como una medida de la incertidumbre de un proceso. Para un conjunto de eventos con función de densidad de probabilidad $P\{x_i, i = 1, 2, 3, \dots, N\}$, la entropía de Shannon es definida por:

$$T14 = -\sum_{n=1}^N P((x(n))) \log P((x(n))) \quad (\text{ec 3.20}).$$

RMS de picos (T15)

Raíz media cuadrática de los picos o rms of Peaks(\bar{x}_{Peak}): es una característica derivada de un análisis de estadísticos calculados a partir de partes de la señal de tiempo en que la señal de tiempo en la que se tiene en cuenta la respuesta de impulso de impacto. El valor rms de todas las amplitudes de máximos locales (picos) en la señal de vibración normalizada se expresa de la siguiente manera:

$$T15 = \sqrt{\left(\frac{1}{N} \sum_{n=1}^N x_{n\text{peak}}^2\right)} \quad (\text{ec 3.21}).$$

Desviación estándar de los picos (T16)

De la misma manera que el valor rms de los picos, este parámetro hace uso de los picos máximos de la señal como fuente de información correspondiente a los fallos de rodamientos. Permite cuantificar el grado de inestabilidad y dispersión que presentan las amplitudes de los máximos locales (pico) con respecto a un valor medio.

$$T16 = \sqrt{\left(\frac{1}{N} (x_{n\text{peak}} - \bar{x}_{\text{peak}})^2\right)} \quad (\text{ec 3.22}).$$

Rango intercuartilico (T17)

$$T17 = \frac{\sum_{n=1}^N (x(n) - T1)^{1/2} x(n)}{N\sqrt{T2}} \quad (\text{ec 3.23}).$$

En frecuencia (F), se emplean un total de 16 características, numeradas así:

Frecuencia media (F1)

La frecuencia media representa el nivel de vibración medio de la señal en términos de la frecuencia. Indica la energía de vibración de la señal en el dominio de la frecuencia.

$$F1 = \frac{\sum_{k=1}^K x(k)}{K} \text{ (ec 3.24).}$$

Varianza (F2)

La varianza definida como el segundo momento estadístico, es un indicador de la variabilidad de la amplitud de la variación en el espectro con respecto a (F1). Se define como:

$$F2 = \frac{\sum_{k=1}^K (x(k) - F1)^2}{K-1} \text{ (ec 3.25).}$$

Asimetría (F3)

Es el tercer momento estadístico de la distribución de las frecuencias y mide la estabilidad del espectro con la media.

$$F3 = \frac{\sum_{k=1}^K (x(k) - F1)^3}{K(\sqrt{F2})^3} \text{ (ec 3.26).}$$

Kurtosis (F4)

Es el cuarto momento estadístico de la señal de vibración y es útil para caracterizar fallas en rodamientos y engranajes.

$$F4 = \frac{\sum_{k=1}^K (x(k) - F1)^4}{K(\sqrt{F2})^3} \text{ (ec 3.27).}$$

Frecuencia central (F5)

La frecuencia central muestra los cambios de posición de las frecuencias principales. Sirve para la normalizar del rango de frecuencia presentes en la señal.

$$F5 = \frac{\sum_{k=1}^K f_k x(k)}{\sum_{k=1}^K x(k)} \text{ (ec 3.28).}$$

Desviación estándar (F6)

Describe el grado de convergencia del espectro de potencia.

$$F6 = \sqrt{\frac{\sum_{k=1}^K (f_k - F5)^2 x(k)}{K}} \text{ (ec 3.29).}$$

Raíz media cuadrática (F7)

Muestra los cambios de posición de las frecuencias principales. Es un parámetro que define el nivel de vibración global de la máquina.

$$F7 = \sqrt{\frac{\sum_{k=1}^K f_k^2 x(k)}{\sum_{k=1}^K x(k)}} \text{ (ec 3.30).}$$

Media cuadrática (F8)

$$F8 = \sqrt{\frac{\sum_{k=1}^K f_k^4 x(k)}{\sum_{k=1}^K f_k^2 x(k)}} \text{ (ec 3.31).}$$

inversa de la raíz cuadrática de la función por su media cuadrática (F9)

$$F9 = \frac{\sum_{k=1}^K f_k^2 x(k)}{\sqrt{(\sum_{k=1}^K x(k) \sum_{k=1}^K f_k^2 x(k))}} \text{ (ec 3.32).}$$

Desviación estándar sobre la frecuencia central (F10)

$$F10 = \frac{F6}{F5} \text{ (ec 3.33).}$$

Raíz media geométrica (F11)

$$F11 = \frac{\sum_{k=1}^K (f_k - F5)^3 x(k)}{F6^3} \text{ (ec 3.34).}$$

Desviación media absoluta (F12)

$$F12 = \frac{\sum_{k=1}^K (f_k - F5)^4 x(k)}{F6^4} \text{ (ec 3.35).}$$

Rango inter cuartilico (F13)

$$F13 = \frac{\sum_{k=1}^K (f_k - F5)^{1/2} x(k)}{K \sqrt{F6}} \text{ (ec 3.36).}$$

Media geométrica (F14)

La media geométrica de una cantidad finita de números es:

$$F14 = \sqrt[K]{\prod_{k=1}^K x(k)} \text{ (ec 3.37).}$$

Desviación media absoluta (F15)

La desviación absoluta de un elemento de un conjunto de datos es la diferencia absoluta entre ese elemento y un punto dado. Típicamente, la desviación se calcula desde el valor central, se entiende como algún tipo de media, mas a menudo la mediana o a veces la media del conjunto de datos.

$$F15 = \frac{1}{K} \sum_{k=1}^K |x(k) - F5| \text{ (ec 3.38).}$$

Rango intercuartílico (F16)

Se le llama rango intercuartílico o rango intercuartil, a la diferencia entre el tercer y el primer cuartil de una distribución. Es una medida de la dispersión estadística.

$$F16 = Q3 - Q1 \text{ (ec 3.39).}$$

En Melcepstrum (M), un total de 12 coeficientes cepstrales con 24 filtros. Para caracterización por Melcepstrum se emplea el toolbox de Matlab denominado Voicebox.

3.1.3 Validación

3.1.3.1 K-means

El algoritmo de K-means fue propuesto por MacQueen en el año 1968. Esta basado en el análisis de las varianzas. Agrupa un conjunto de datos en un número predefinido de clusters. Comienza con un conjunto aleatorio de centroides de cada uno de los clusters y continua reasignando los datos del conjunto de datos a los centroides, basándose en la similitud entre el dato y el centroide. El proceso de reasignación no se detiene hasta que se converge al criterio de parada (por ejemplo, se alcanza un numero fijo de iteraciones o los clusters encontrados no cambien después de cierto numero de iteraciones) [36].

k-means es utilizado para identificar grupos o clucters, de un conjunto de datos en un espacio multidimensional. Se supone que tenemos un conjunto de datos $\{x_1, x_2, \dots, x_N\}$ los cuales son observaciones aleatorias de variables euclidianas con D-dimensiones, el objetivo es dividir el conjunto de datos en un número k de clusters. Intuitivamente se piensa, en un cluster que comprende un grupo de puntos cuyas distancias entre puntos son pequeñas comparadas con las distancias a los puntos fuera del cluster, se introduce un conjunto de vectores en D- dimensiones μ_k , el cual esta asociado con el k-esimo cluster; donde $k=1,2,\dots,K$. Los vectores μ_k representan el centro de los clusters. Se busca una asignación de puntos para los grupos, así como un conjunto de vectores tales que la suma de los cuadrados de las distancias de cada punto (dato) sea un mínimo (lo mas cercano posible al vector μ_k).

Por cada punto x_n , se introduce un grupo de variables binarias $r_{kn} \in \{0,1\}$, donde $k=1,2,\dots,K$ el cual describe el k cluster que se asigna al dato x_n , luego $r_{kn}=1$ y $r_{jn}=0$ para $j \neq k$. Se define la función objetivo:

$$J = \sum_{n=1}^N \sum_{k=1}^K r_{kn} \|x_n - \mu_k\|^2 \text{ (ec 3.40).}$$

La cual representa la suma de los cuadrados de las distancias de cada punto para un vector asignado μ_k , se buscan valores de $\{r_{nk}\}$ y de $\{\mu_k\}$ que minimicen a J . Para esto escogemos valores iniciales para μ_k . El primer paso es minimizar J con respecto a r_{nk} , manteniendo a μ_k fijo y luego se minimiza J con respecto a μ_k , manteniendo fijo a r_{nk} . El segundo paso es repetir el primer paso hasta que converja.

Se considera primero la determinación de r_{nk} , pues J es una función lineal de r_{nk} . Esta optimización se realiza fácilmente para dar una solución cerrada. Los términos que contiene son independientes y por lo tanto se pueden optimizar para cada n por separado por cada r_{nk} escogido para ser 1 por cualquier valor de k que entregue el valor mínimo de $\|x_n - \mu_k\|^2$, es decir;

$$r_{kn} = \begin{cases} 1 & \text{si } k = \arg \min_j \|x_n - \mu_k\|^2 \\ 0 & \text{en cualquier otro caso} \end{cases} \quad (\text{ec 3.41}).$$

Ahora se considera la optimización de μ_k con r_{nk} fijo. La función objetivo J es una función cuadrática de μ_k , se minimiza de la siguiente manera:

$$2 \sum_{n=1}^N r_{kn} (x_n - \mu_k) = 0 \quad (\text{ec 3.42}).$$

Luego se tiene que

$$\mu_k = \frac{\sum_{n=1}^N r_{kn} x_n}{\sum_{n=1}^N r_{kn}} \quad (\text{ec 3.43}).$$

El denominador en esta expresión es igual al numero de puntos asignados para el cluster k , este resultado quiere decir, que hay un grupo de μ_k los cuales son la media de todos los puntos x_n asignados al cluster k , por esto este algoritmo es llamado las k -means (k - medias) [36].

Es un algoritmo de agrupación, este es uno de los métodos de cluster iterativos mas populares. Se utiliza cuando todas las variables son de tipo cuantitativo. Cada cluster es caracterizado por su centroide, ver figura 8. [13].

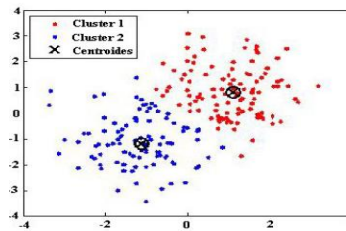


Figura 8: Clusters usando K-means [13].

El algoritmo de K-means se resume de la siguiente manera:

- Selecciona un conjunto aleatorio de centroides iniciales.
- Asigna cada elemento del conjunto de datos al centroide mas cercano.
- Recalcula los centroides usando:
- Repetir los pasos 2 y 3 hasta que se alcance la condición de parada.

$$c_j = \frac{1}{|c_j|} \sum z \quad \forall x \in c_j \quad (\text{ec 3.44}).$$

Donde z representa un elemento del conjunto de datos, que pertenece al cluster C_j , c_j es un centroide y $|C_j|$ corresponde al numero de elementos en el cluster C_j .

Una desventaja de este algoritmo es que el resultado obtenido es independiente de la selección inicial de los centroides de los clusters y puede converger a óptimos locales. Por lo tanto, la selección de los centroides iniciales afecta el proceso principal de K-means y la partición resultante de este proceso. Sin embargo, si se obtienen buenos centroides iniciales con alguna técnica iterativa, K-means refinara esos centroides de los clusters obteniendo mejores resultados [36].

3.1.3.2 Algoritmo de fuzzy K-means:

Una variación del método k-means es el algoritmo de Fuzzy K-means clustering. Se debe escoger un punto inicial para los centros de los núcleos, este paso se puede hacer mediante una división de distancias equidistante de espacio muestral, con los cuales este empezara a ordenar cada dato con respecto al núcleo más cercano, después el algoritmo actualiza la posición de los centroides, minimizando la función de costos, los centroides son ubicados en la posición más cercana a los grupos de datos que al ser evaluados dieron el mejor valor de probabilidad de pertenencia a ese grupo.

Sea $X = \{X_1, X_2, \dots, X_n\}$ un conjunto de objetos de tamaño n . Los objetos $X = \{X_{i1}, X_{i2}, \dots, X_{in}\}$ están caracterizados por ser un conjunto compuesto por m características (variables). El algoritmo de Fuzzy K-means, busca partir los datos X en K grupos, minimizando la función objetivo F , la cual posee variables desconocidas nombradas U y Z , la función F se expresa como:

$$F(U, Z) = \sum_{l=1}^k \sum_{i=1}^n u_{il}^\alpha D(X_i, Z_l) \quad (\text{ec 3.45}).$$

$$\text{Sujeto a: } \begin{cases} \sum_{l=1}^k u_{li} = 1, & 1 \leq i \leq n \\ 0 \leq u_{li} \leq 1, & 1 \leq i \leq n, 1 \leq l \leq k \\ 0 \leq \sum_{i=1}^n u_{il} \leq l, & 1 \leq l \leq k \end{cases}$$

Dónde:

- U es una matriz de miembros de tamaño $n \times k$ y $\alpha \in [1, \infty)$ son el peso de los parámetros.
- $Z = \{Z_1, Z_2, \dots, Z_k\}$ es el conjunto de k medias que conforman los centros de los k núcleos.
- $D(X_i, Z_l)$ se denota como la distancia de dis-similaridad medida entre la característica i al núcleo l en la j -ésima variable, usualmente se define así[34]:

$$D(X_i, z_l) = \sum_{j=1}^m (X_{i,j} - z_{l,j})^2 \quad (\text{ec 3.46}).$$

El algoritmo de discretización de observaciones (k-means) emplea un total de 24 centroides. Se ejecutó en un computador con un procesador UINtel(R) Core(TM) QuadCPU Q8400 de 2.66 GHz, 4GB de RAM, Windows 7 Professional de 32 bits, con Service Pack 1.

3.2 RESULTADOS

3.2.1 Análisis individual de espacios

Este experimento sirve para observar la confiabilidad con la que el modelo se entrenó, su validación respecto a diferentes espacios (tiempo (T), frecuencia (F), y melcepstrum (M)). Se desea decidir cuál es el mejor espacio para extraer características para una base de datos en particular, también puesto que nuestro entrenador se basa en las cadenas ocultas de Markov (HMM) hacer la misma evaluación de validación y confiabilidad sobre el número de estados de dichas cadenas.

Tabla 3: Media y desviación por fallo y totales HMM, según el espacio de representación.

espacio	HMMall	A1		A2		A3	
		media	desv	media	desv	media	desv
T	1	0,84	0,1826	0,984	0,0554	0,92	0,1291
	2	0,8	0,2082	0,984	0,0554	0,76	0,2517
	3	0,808	0,1869	1	0	0,88	0,1826
F	1	0,816	0,1818	0,992	0,04	0,864	0,2289
	2	0,84	0,1732	0,96	0,0816	0,88	0,1732
	3	0,784	0,2154	0,984	0,0554	0,784	0,2154
M	1	0,884	0,08	0,808	0,3439	0,984	0,0554
	2	0,904	0,2835	0,696	0,3565	0,896	0,2389
	3	0,952	0,2023	0,736	0,3593	0,856	0,2043
espacio	HMMall	B1		B2		B3	
		media	desv	media	desv	media	desv
T	1	1	0	0,952	0,1327	0,968	0,0945
	2	1	0	0,936	0,18	0,936	0,0879
	3	1	0	0,952	0,1046	0,92	0,1528
F	1	1	0	0,976	0,0663	0,824	0,2185
	2	1	0	0,88	0,1915	0,76	0,2236
	3	1	0	0,84	0,2708	0,888	0,2088
M	1	1	0	1	0	1	0
	2	0,92	0,2769	0,952	0,1327	1	0
	3	0,96	0,2	0,952	0,1327	1	0

Continuación de la **tabla 3**.

espacio	HMMall	Normal		C1		C2	
		media	desv	media	desv	media	desv
T	1	1	0	0,896	0,1837	0,872	0,1275
	2	1	0	0,92	0,1633	0,896	0,1428
	3	1	0	0,96	0,0816	0,888	0,1424
F	1	0,984	0,08	0,904	0,1837	0,864	0,2059
	2	0,976	0,0663	0,816	0,2375	0,896	0,201
	3	0,976	0,0663	0,864	0,2059	0,776	0,2403
M	1	1	0	1	0	1	0
	2	1	0	0,984	0,08	1	0
	3	1	0	0,992	0,04	1	0
espacio	HMMall	C3		Total		t(s)	
		media	desv	media	desv		
T	1	0,992	0,04	0,9424	0,0682	135,713	
	2	0,992	0,04	0,9264	0,0888	254,148	
	3	0,952	0,0872	0,936	0,0739	481,401	
F	1	0,992	0,04	0,9216	0,0871	211,735	
	2	1	0	0,9008	0,09	364,939	
	3	1	0	0,8896	0,1048	538,415	
M	1	0,4	0,5	0,9176	0,177	870,016	
	2	0,96	0,2	0,9312	0,1746	3117,805	
	3	1	0	0,9376	0,1253	5380	

Con el fin de analizar los datos consignados en la Tabla 3, se muestran las figuras 9 y figura 10: Fig. 9.a, Fig 9.b, Fig. 9.c donde el eje de las abscisas representa los 10 posibles estados de salud del sistema y el eje de las ordenadas representa las confiabilidades en por unidad. La figura 10 a. y la figura 10 b. representa la confiabilidad total por espacio de representación y el tiempo de ejecución del algoritmo de entrenamiento, donde el eje de las abscisas el número de estados de HMM y el eje de las ordenadas representa la confiabilidad total por unidad y el tiempo de ejecución del algoritmo en segundos respectivamente.

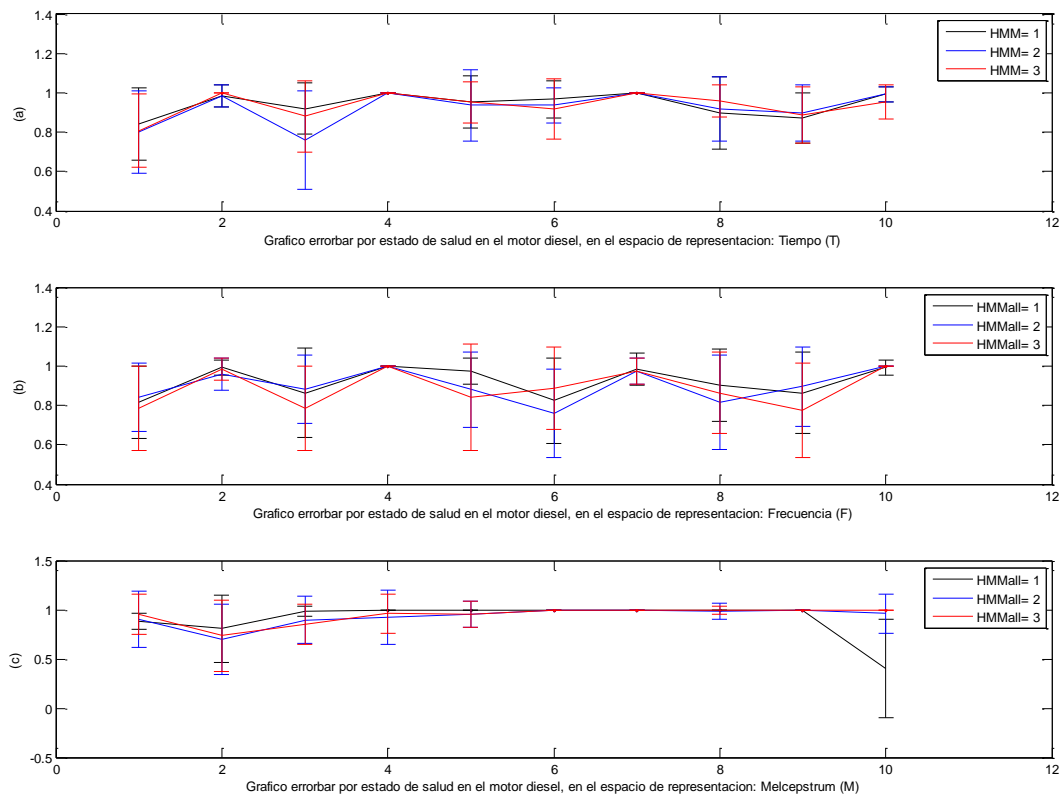


Figura 9: Media y desviación por espacio de representación: (a)Tiempo, (b)Frecuencia, (c) Melcepstrum.

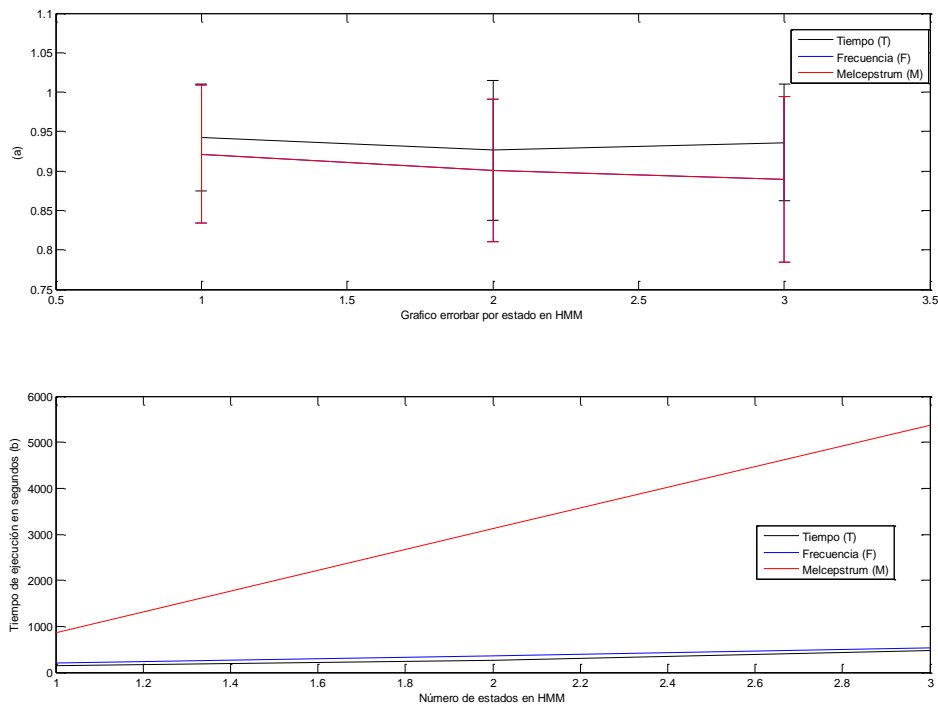


Figura 10: (a) Confiabilidad por estados HMM, (b) tiempo de entrenamiento según estados HMM.

Análisis

- El espacio de representación frecuencia fue el único espacio que no tuvo confiabilidad media de 100% en la operación Normal.
- El mayor tiempo de ejecución del algoritmo se registra en el espacio melcepstrum con dos estados en las cadenas ocultas de Markov, con un tiempo de 3117,804569 segundos los demás tipos de fallo presentan un tiempo de ejecución un orden menor.
- Este experimento registra bajas confiabilidades en las carpetas A1, A3, B2, B3, C1, C2 con respecto a los otros estados del sistema con una confiabilidad media de 80% con una de 20% aproximadamente.
- En el espacio de representación tiempo se registran los menores tiempos de ejecución del algoritmo respecto a los otros dos espacios de representación descritos en este experimento.
- En el espacio de representación en melcepstrum se registran tiempos de ejecución del algoritmo alrededor de un orden por encima de los demás espacios.
- La menor confiabilidad de todo el experimento se registra en el espacio de representación melcepstrum, con estados en las cadenas ocultas de Markov y en la carpeta B3. Con una media del 50% y una desviación del 40%.
- El menor tiempo de corrida del algoritmo se registra con 1 estado en las cadenas ocultas de Markov y en el espacio de representación tiempo con un tiempo de 114,933358 segundos.
- La mayor confiabilidad total se registra en el espacio de representación tiempo con un estado en las cadenas ocultas de Markov con una media de 94,24% y una desviación del 6,82%.
- Para el tipo de fallo A1 se observa que el espacio de representación melcepstrum con cuatro estados HMM presenta la mejor desempeño en el experimento 1, arrojando una confiabilidad medio del 98,45% con una desviación del 5,54%, para los demás tipos de fallos presentan una confiabilidad media del 100% con una desviación del 0%.
- El según la figuras: **Fig 10.a y Fig. 10.b** se observa que con un estado en las cadenas ocultas de Markov el mejor espacio de representación para este sistema es tiempo pues registra una mayor confiabilidad promedio (con una media de 92,96% y una desviación de 94,24% y una desviación del 9,45%) y un menor tiempo de ejecución del algoritmo de 135,712 segundos. Con dos estados en las cadenas ocultas de Markov el mejor espacio de representación de nuestro sistema es melcepstrum pues presenta una mejor confiabilidad promedio (con una media de 93,12% y una desviación del 15,68%), aunque el tiempo de ejecución del algoritmo es muy alto con respecto al menor tiempo de ejecución del algoritmo que lo presenta el espacio de representación en tiempo (de 3117,804 segundos y 264,148 segundos respectivamente). Con tres estados en las cadenas ocultas de Markov la mayor confiabilidad media lo presenta melcepstrum (con una media de 94,48% una desviación del 11,39%), aunque el tiempo de ejecución del algoritmo es más alto con

respecto al menor tiempo de ejecución del algoritmo que lo presenta el espacio de representación en tiempo (de 5382,3 segundos y de 481,4013 segundos respectivamente). Finalmente para cuatro estados en las cadenas ocultas de Markov la mejor confiabilidad promedio lo presenta el espacio de representación en melcepstrum (con una media de 93,765 una desviación del 13,4%), aunque el tiempo de ejecución del algoritmo es mucho mayor con respecto al menor tiempo de ejecución del algoritmo que lo presenta el espacio de representación en tiempo (de 7565,1 segundos y de 523,526 respectivamente).

- Las mejores confiabilidades totales se registran con un estado en HMM para todos los espacios de representación.

3..2.2 Análisis binario de espacios y características

Este experimento sirve para evaluar la confiabilidad con la que el modelo se entrena, su comportamiento respecto a diferentes combinaciones de espacios (tiempo (T), frecuencia (F), melcepstrum (M)). Se desea decidir cuál es la mejor combinación de espacio de representación y/o caracterización para una base de datos particular. También, puesto que el entrenador se basa en cadenas ocultas de Markov (HMM), hacer la misma evaluación de validación y confiabilidad sobre el número de estados de dichas cadenas.

Tabla 4: Los valores de media y desviación estándar por estado de operación del sistema, tiempo de ejecución del algoritmo, media y desviación total del sistema por cada combinación de espacios de representación y estados ocultos de las cadenas de Markov.

espacio	HMMall	A1		A2		A3	
		media	desv	media	Desv	Media	desv
T	1	0,92	0,1661	0,992	0,0663	0,88	0,2169
	2	0,888	0,1424	0,976	0,0663	0,912	0,1301
	3	0,856	0,1685	0,984	0,0554	0,72	0,3
F	1	0,76	0,2708	0,992	0,04	0,792	0,1778
	2	0,84	0,1915	0,92	0,2	0,84	0,1915
	3	0,832	0,2135	0,992	0,04	0,84	0,1663
espacio	HMMall	B1		B2		B3	
		media	desv	media	Desv	Media	desv
T	1	1	0	0,952	0,2007	0,984	0,04
	2	1	0	0,864	0,2215	0,96	0,1633
	3	1	0	0,896	0,1744	0,936	0,1381
F	1	1	0	0,968	0,0945	0,88	0,1732
	2	1	0	0,92	0,1633	0,8	0,2449
	3	1	0	0,928	0,172	0,816	0,2154
espacio	HMMall	Normal		C1		C2	
		media	desv	media	Desv	Media	desv
T	1	1	0	0,928	0,1645	0,832	0,2294
	2	1	0	0,904	0,2389	0,848	0,1558
	3	1	0	0,928	0,172	0,896	0,1428
F	1	0,952	0,0872	0,912	0,1536	0,92	0,1915
	2	0,96	0,1	0,768	0,2123	0,848	0,2104
	3	0,952	0,0872	0,88	0,2	0,856	0,2123

Continuación de la **tabla 4**.

espacio	HMMall	C3		Total		t(s)	
		media	desv	media	Desv		
T	1	0,952	0,0748	0,952	0,0802	135,713	
	2	0,96	0,0816	0,9312	0,0826	248,353	
	3	0,976	0,0663	0,9192	0,0926	448,523	
F	1	1	0	0,9176	0,0895	231,352	
	2	1	0	0,8896	0,0904	387,969	
	3	0,976	0,0663	0,9072	0,0811	605,123	
espacio	HMMall	A1		A2		A3	
		media	desv	media	desv	Media	desv
F y T	1	0,912	0,1424	1	0	0,944	0,1083
	2	0,88	0,1414	0,984	0,0554	0,808	0,2482
	3	0,912	0,1166	0,984	0,08	0,856	0,2274
M	1	1	0	0,664	0,4192	0,984	0,0554
	2	0,944	0,196	0,792	0,3135	0,944	0,1474
	3	0,944	0,2043	0,728	0,3691	0,952	0,1327
M y T	1	0,872	0,1514	0,992	0,04	0,88	0,216
	2	0,872	0,1514	0,984	0,0554	0,896	0,1541
	3	0,888	0,1922	1	0	0,848	0,2182
espacio	HMMall	B1		B2		B3	
		media	desv	media	desv	Media	desv
F y T	1	1	0	0,984	0,08	1	0
	2	1	0	0,936	0,1497	0,976	0,0879
	3	1	0	0,912	0,1301	0,976	0,0879
M	1	1	0	1	0	1	0
	2	0,92	0,2769	0,944	0,1356	1	0
	3	0,96	0,2	0,968	0,1108	1	0
M y T	1	1	0	0,976	0,0879	0,96	0,1155
	2	1	0	0,952	0,1194	0,952	0,1194
	3	1	0	0,88	0,2236	0,904	0,2389

Continuación de la **tabla 4**.

espacio	HMMall	Normal		C1		C2	
		media	desv	media	desv	Media	desv
F y T	1	1	0	0,944	0,1083	0,856	0,1356
	2	1	0	0,896	0,1837	0,872	0,1514
	3	1	0	0,952	0,1327	0,888	0,1013
M	1	1	0	1	0	1	0
	2	1	0	1	0	1	0
	3	1	0	0,992	0,04	1	0
M y T	1	1	0	0,864	0,2059	0,848	0,1327
	2	1	0	0,832	0,275	0,832	0,1528
	3	1	0	0,952	0,1046	0,864	0,1254
espacio	HMMall	C3		Total		t(s)	
		media	desv	media	desv		
F y T	1	0,952	0,0872	0,9592	0,0599	321,466	
	2	0,968	0,0945	0,932	0,0794	450,914	
	3	0,984	0,0554	0,9464	0,0671	630,697	
M	1	0,52	0,5099	0,9168	0,1949	1636,734	
	2	0,84	0,3742	0,9384	0,1434	2050,691	
	3	0,8	0,4082	0,9344	0,1496	4235,143	
M y T	1	0,984	0,0554	0,9376	0,0777	145,548	
	2	0,96	0,0816	0,9328	0,0822	311,449	
	3	0,984	0,0554	0,932	0,0984	488,145	
espacio	HMMall	A1		A2		A3	
		media	desv	media	desv	Media	desv
M y F	1	0,864	0,189	0,952	0,1327	0,928	0,098
	2	0,74	0,2769	0,984	0,0554	0,824	0,1855
	3	0,792	0,212	0,984	0,0554	0,8	0,238
M, F y T	1	0,888	0,1424	0,984	0,0554	0,856	0,2347
	2	0,912	0,1166	0,984	0,0554	0,816	0,2075
	3	0,84	0,216	1	0	0,84	0,2082

Continuación de la **tabla 4**.

espacio	HMMall	B1		B2		B3	
		media	desv	media	desv	Media	desv
M y F	1	1	0	0,928	0,172	0,88	0,1528
	2	1	0	0,896	0,1744	0,872	0,1815
	3	1	0	0,856	0,2485	0,808	0,2482
M, F y T	1	1	0	0,96	0,1	0,952	0,1194
	2	1	0	0,976	0,0663	0,968	0,0945
	3	1	0	0,88	0,2082	0,928	0,1514
espacio	HMMall	Normal		C1		C2	
		media	desv	media	desv	Media	desv
M y F	1	0,984	0,0554	0,808	0,1778	0,808	0,1826
	2	0,976	0,0663	0,808	0,2344	0,824	0,2403
	3	0,984	0,0554	0,816	0,2075	0,864	0,1705
M, F y T	1	0,992	0,04	0,92	0,1528	0,84	0,1528
	2	1	0	0,976	0,0663	0,848	0,1661
	3	1	0	0,928	0,1514	0,912	0,1013
espacio	HMMall	C3		Total		t(s)	
		media	desv	media	desv		
M y F	1	1	0	0,9224	0,074	234,595	
	2	1	0	0,8944	0,1024	453,924	
	3	1	0	0,8904	0,1039	659,213	
M, F y T	1	0,968	0,0748	0,936	0,068	305,425	
	2	0,976	0,0663	0,9456	0,0659	485,064	
	3	0,992	0,04	0,932	0,0914	629,846	

Con el fin de analizar los datos consignados en la Tabla 4, se muestran las figuras 11 y figura 12: Fig. 11.a, Fig 11.b, Fig. 11.c, Fig 11.d, Fig 11.e, Fig 11.f y Fig 11.g. donde el eje de las abscisas representa los 10 posibles estados de salud del sistema y el eje de las ordenadas representa las confiabilidades en por unidad. La figura 12 a. y la figura 12 b. representa la confiabilidad total por combianción de espacios de representación y el tiempo de ejecución del algoritmo de entrenamiento, donde el eje de las abscisas el número de estados de HMM y el eje de las ordenadas representa la confiabilidad total por unidad y el tiempo de ejecución del algoritmo en segundos respectivamente.

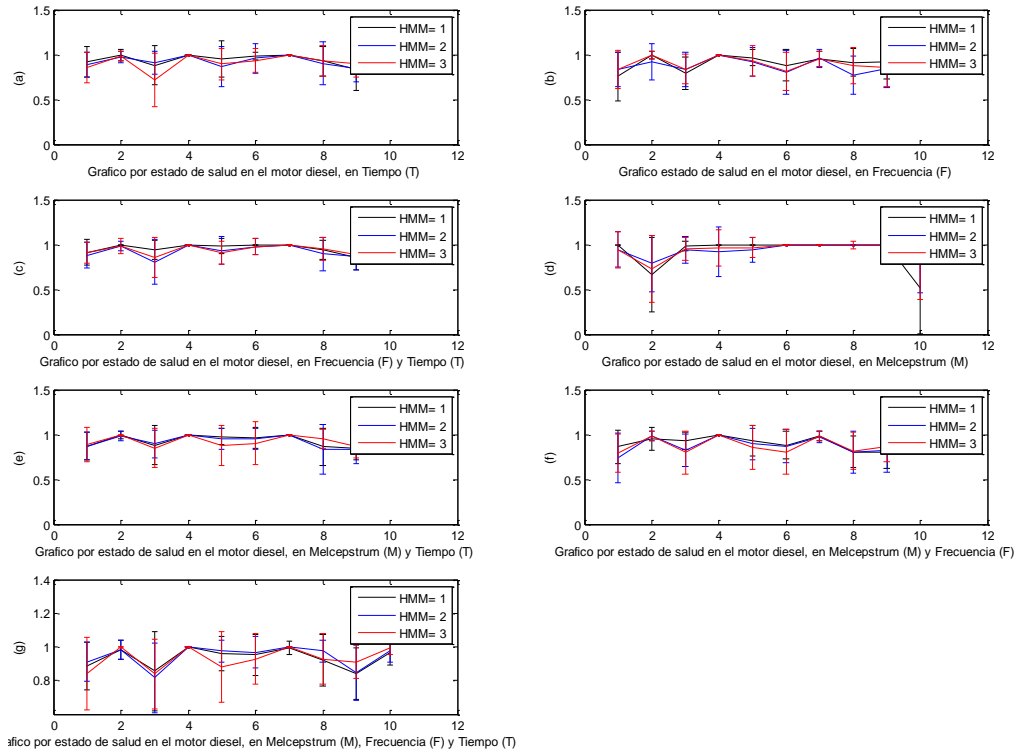


Figura 11: Media y desviación para combinación de espacios de representación (T:tiempo, F:frecuencia y M:melcepstrum): (a)T, (b) F, (c) F-T, (d) M, (e) M-T, (f) M-F, (g) M-F-T.

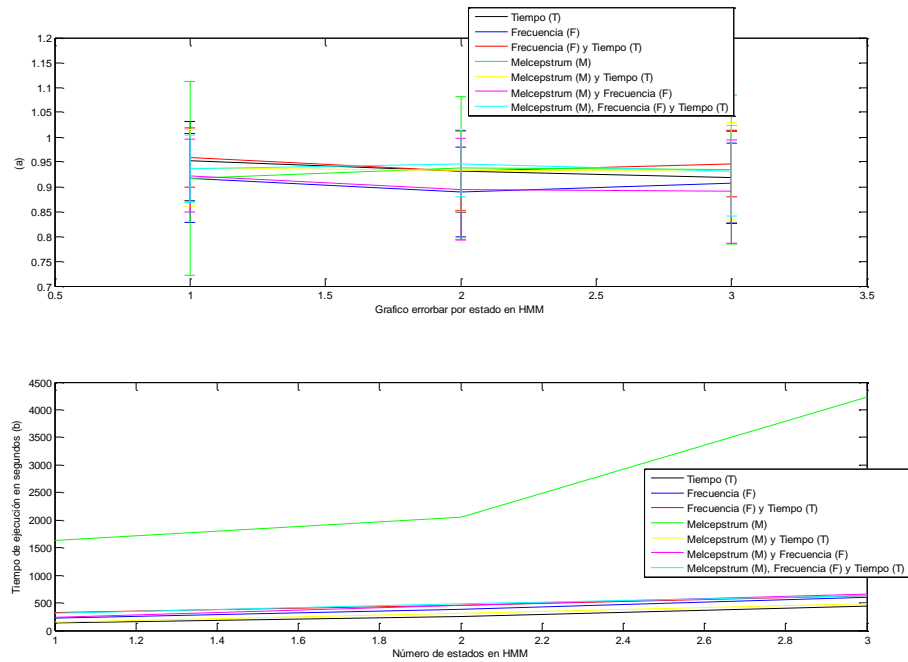


Figura 12: Confiabilidad por estados HMM, (b) tiempo entrenamiento según estados HMM.

Análisis

- Para los fallos A1 se obtienen malas confiabilidades con desviaciones superiores al 14% con excepción de melcepstrum con un estado en las cadenas ocultas de Markov. Para el fallo A3 se registran bajas confiabilidades con desviaciones superiores al 14% excepto en frecuencia-tiempo con un estado en las cadenas ocultas de Markov, melcepstrum con uno y tres estados en las cadenas ocultas de Markov y en melcepstrum-frecuencia con un estado en las cadenas ocultas de Markov.
- Los demás estados del sistema con las combinaciones de espacios de representación y estados en las cadenas ocultas de Markov tienen buenas confiabilidades con desviaciones por debajo del 14% en este experimento.
- El menor tiempo de ejecución del algoritmo se presenta en tiempo con un estado en las cadenas ocultas de Markov, mientras que el mayor tiempo de ejecución del algoritmo lo presenta melcepstrum con tres estados en las cadenas ocultas de Markov con tiempos de 135,713 segundos y 4235,143 segundos respectivamente.
- La mayor confiabilidad total se registra con frecuencia-tiempo con un estado en las cadenas ocultas de Markov con una media y una desviación de 95,92% y 5,99% respectivamente mientras que la peor confiabilidad total se registra en melcepstrum-frecuencia con tres estados en las cadenas ocultas de Markov y con una media y desviación del 89,04% y 10,39 respectivamente.
- Para el fallo tipo A3 se observa que en el espacio de representación melcepstrum y con un estado en las cadenas ocultas de Markov este estado del sistema presenta la mayor confiabilidad en todo el experimento 1 en este estado (con una media de 98,45 y una desviación del 5,54%), para A1, A2, B1, B2, Normal y B3 presenta una confiabilidad media de 100% y una desviación de 0%.
- Al analizar las figuras: **Fig. 12.a** y **Fig. 12.b** se observa que: Con un estado en las cadenas ocultas de Markov frecuencia-tiempo tiene una mayor confiabilidad promedio (con una media de 95,92% y una desviación del 6,62%). El menor tiempo de ejecución del algoritmo lo presenta tiempo para un estado HMM y es mucho menor al de frecuencia-tiempo (de 135,712 segundos y de 321.466 respectivamente). Con dos estados en HMM la mayor confiabilidad promedio la obtiene melcepstrum-frecuencia-tiempo (con una media de 94.56% y una desviación del 8.39%) aunque el menor tiempo de ejecución es en tiempo y es casi el doble el tiempo de ejecución del algoritmo en melcepstrum-frecuencia y melcepstrum (de 248,352 segundos y de 485,064 respectivamente). Con tres estados en HMM frecuencia-tiempo tiene la mayor confiabilidad (con una media de 94,64% y una desviación del 9,31%), el menor tiempo de ejecución del algoritmo lo presenta tiempo con tres estados en HMM.
- En todas las combinaciones de espacios de representación las mayores confiabilidades totales se obtienen con un estado en HMM excepto en melcepstrum ya que presenta mejor confiabilidad total con dos estados en HMM a medida que se van aumentando los estados las confiabilidades totales se disminuyen.

3.2.3 Análisis individual de características

Este experimento sirve para observar la confiabilidad del entrenamiento para cada característica del espacio de representación tiempo (T), frecuencia (F) y melcepstrum (m) para observar la relevancia individual. Puesto que nuestro entrenador se basa en las cadenas ocultas de Markov (HMM) hacer la misma evaluación de validación y confiabilidad sobre el número de estados de dichas cadenas (hasta tres estados).

Tabla 5: Los valores de media y desviación estándar totales por estados en HMM del sistema, tiempo de ejecución del algoritmo, media y desviación total del sistema por cada combinación de espacios de representación y estados ocultos de las cadenas de Markov

HMM	espacio	Características					
		1			2		
		media	desv	tiempo (s)	media	desv	tiempo (s)
1	T	0,3472	0,0274	140,7552	0,9184	0,0883	132,0668
2		0,3496	0,0628	307,7806	0,9008	0,1053	284,4714
3		0,376	0,047	364,9827	0,9192	0,0993	400,9485
1	F	0,848	0,0828	202,6841	0,8856	0,0891	203,3758
2		0,8248	0,1129	371,1102	0,8976	0,0636	379,1358
3		0,832	0,0892	584,1567	0,8784	0,0763	547,9108
1	M	0,8784	0,0835	84,8057	0,6976	0,0462	76,0105
2		0,8592	0,1039	324,7372	0,7	0,0779	320,8572
3		0,8616	0,0904	518,9551	0,7328	0,1021	470,3667
HMM	espacio	Características					
		3			4		
		media	desv	tiempo (s)	media	desv	tiempo (s)
1	T	0,6152	0,0879	146,2961	0,668	0,0485	149,9665
2		0,5264	0,056	377,381	0,6496	0,0883	377,0899
3		0,5536	0,0696	498,7327	0,6616	0,0545	521,7266
1	F	0,4728	0,0659	224,7476	0,492	0,0617	205,4916
2		0,5136	0,0516	458,7342	0,524	0,0543	446,3141
3		0,5408	0,072	569,4427	0,5712	0,076	589,7019
1	M	0,5752	0,0683	92,2448	0,6288	0,0673	86,944
2		0,596	0,087	336,6601	0,6704	0,084	298,466
3		0,6304	0,0799	530,5119	0,7056	0,1039	426,6651

Continuación de la **tabla 5.**

HMM	espacio	Características					
		5			6		
		media	desv	tiempo (s)	media	desv	tiempo (s)
1	T	0,9104	0,0681	116,2124	0,92	0,0779	121,7177
2		0,892	0,0566	277,7025	0,9056	0,0941	268,6658
3		0,8968	0,0749	407,6295	0,8984	0,0988	423,6106
1	F	0,836	0,0814	194,3211	0,8672	0,0837	220,7031
2		0,8568	0,0912	403,9808	0,8624	0,0938	391,9568
3		0,832	0,1107	594,8004	0,8608	0,0898	531,7451
1	M	0,3824	0,0645	90,9348	0,6048	0,0801	92,8939
2		0,4616	0,0761	341,0937	0,6328	0,086	404,5345
3		0,4656	0,0838	490,8191	0,6112	0,0905	572,5807
HMM	espacio	Características					
		7			8		
		media	desv	tiempo (s)	media	desv	tiempo (s)
1	T	0,8152	0,0758	129,5659	0,9304	0,0661	121,7357
2		0,8064	0,0992	345,7576	0,9192	0,0661	296,8578
3		0,7976	0,0759	510,4533	0,9072	0,078	457,7097
1	F	0,8976	0,0982	212,3881	0,8944	0,0968	215,3611
2		0,8984	0,0884	389,8736	0,8984	0,0963	370,5525
3		0,9056	0,0727	537,8947	0,8976	0,0885	539,5392
1	M	0,4464	0,0589	100,7734	0,5896	0,1001	89,4719
2		0,5104	0,0467	315,0325	0,6336	0,11	336,1699
3		0,5712	0,0376	477,6689	0,644	0,1022	565,0366
HMM	espacio	Características					
		9			10		
		media	desv	tiempo (s)	media	desv	tiempo (s)
1	T	0,816	0,0972	113,8045	0,7928	0,068	151,7704
2		0,8368	0,0996	270,3371	0,7944	0,0658	388,6879
3		0,8304	0,109	416,4588	0,7856	0,0898	542,6798
1	F	0,908	0,0701	218,4009	0,6816	0,0931	209,3934
2		0,908	0,0868	391,5039	0,6776	0,0906	472,6932
3		0,1031	0,0556	537,8947	0,644	0,0868	555,6042
1	M	0,552	0,0264	87,5285	0,388	0,0371	89,7203
2		0,5752	0,0589	372,406	0,4368	0,0611	330,3087
3		0,6264	0,0567	513,4522	0,4448	0,026	491,8335

Continuación de la **tabla 5.**

HMM	espacio	características					
		11			12		
		media	desv	tiempo (s)	media	desv	tiempo (s)
1	T	0,7848	0,0728	128,3583	0,8968	0,0649	112,3469
2		0,7568	0,084	408,2756	0,9016	0,0698	277,6972
3		0,7576	0,0719	549,8935	0,8912	0,0591	428,3431
1	F	0,4912	0,0636	216,1723	0,4632	0,0595	223,9744
2		0,5232	0,0585	454,8731	0,5184	0,0624	443,2128
3		0,5232	0,0585	600,1846	0,5184	0,0624	435,4975
1	M	0,5712	0,0351	82,6316	0,464	0,0612	84,983
2		0,5656	0,051	307,2478	0,4696	0,0372	346,0573
3		0,616	0,0374	487,6213	0,0427	0,5288	524,519
HMM	espacio	características					
		13			14		
		media	desv	tiempo (s)	media	desv	tiempo (s)
1	T	0,9216	0,08	118,661	0,9212	0,0871	118,4359
2		0,9312	0,0688	283,7548	0,912	0,0878	244,3028
3		0,912	0,1006	400,6703	0,9	0,1032	396,4904
1	F	0,176	0,1119	2,05E+03	0,82	0,0945	215,1952
2		0,1256	0,0801	2,45E+03	0,8336	0,1	398,1449
3		0,1256	0,0801	2,26E+03	0,8336	0,1	423,2372
1	M						
2							
3							
HMM	espacio	características					
		15			16		
		media	desv	tiempo (s)	media	desv	tiempo (s)
1	T	0,7928	0,0861	134,413	0,9232	0,0752	154,3442
2		0,8048	0,1083	281,4063	0,9008	0,0602	302,8344
3		0,816	0,0897	423,6866	0,9176	0,0625	502,7587
1	F	0,8528	0,0868	197,9854	0,8432	0,0809	205,6267
2		0,8784	0,0751	394,4897	0,8368	0,1033	435,9714
3		0,8784	0,0751	418,1226	0,8368	0,1033	460,526
1	M						
2							
3							

Continuación de la **tabla 5**.

HMM	espacio	características					
		17					

		media	desv	tiempo (s)
1	T	0,9272	0,0783	134,0992
2		0,908	0,0673	358,6132
3		0,9056	0,0929	506,454

Con el fin de analizar los datos consignados en la Tabla 5, se muestran las figuras 13: Fig. 13.a, Fig 13.b y Fig. 13.c donde el eje de las abscisas representan cada una de las características del espacio de representación y el eje de las ordenadas representa las confiabilidades totales en por unidad. Fig 13.d, Fig 13.e, Fig 13.f. el tiempo de ejecución del algoritmo de entrenamiento, por característica de cada estado de representación.

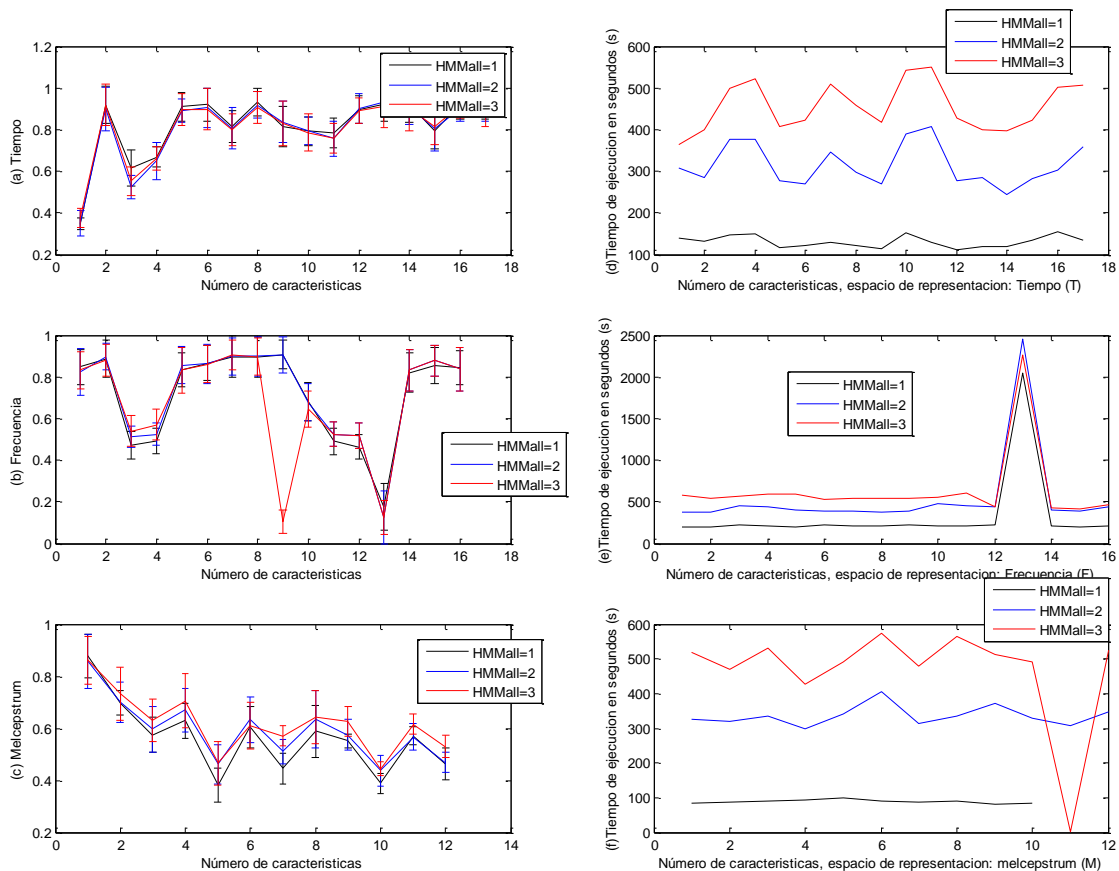


Figura 13: Confiabilidad de caraterísticas del espacio: (a) Tiempo, (b) Frecuencia, (c) Melcepstrum. Tiempo de entrenamiento del espacio (d) Tiempo, (e) Frecuencia, (g) Melcepstrum.

Análisis

- En estado de representación frecuencia (F), se obtienen los mayores tiempos de ejecución del algoritmo de entrenamiento. El mayor tiempo de ejecución es: en frecuencia con dos estados en HMM y en la característica número 13 ($t=2450s$).
- Por el contrario los menores tiempos de ejecución, se obtienen en melcepstrum (M). El menor tiempo de ejecución es: en melcepstrum con un estado en HMM y en el coeficiente cepstral número 11 ($t=82,6316$).
- Las cuatro características con las mejores confiabilidades en el espacio de representación tiempo (T) son: 13 con dos estados en HMM, 17 con un estado en HMM, 6 con un estado en HMM y 5 con un estado en HMM; sus confiabilidades: media=93,17% desviación =6,88%, media=92,72% desviación=7,83%, media=92% desviación =7,79% y media=91,04% desviación =6,81% respectivamente.
- Las cuatro características con las mejores confiabilidades en el espacio de representación frecuencia (F) son: 6 con un estado en HMM, 9 con un estado en HMM, 2 con dos estados en HMM y 15 con dos estados en HMM; sus confiabilidades: media=92% desviación =7,79%, media=90,08% desviación=7,01%, media=89,76% desviación =6,36% y media=87,84% desviación =7,51% respectivamente.
- Los cuatro coeficientes cepstrales con las mejores confiabilidades en el espacio de representación melcepstrum (M) son: 1 con un estado en HMM, 2 con tres estados en HMM, 3 con tres estados en HMM y 6 con tres estados en HMM; sus confiabilidades: media=87,84% desviación =8,35%, media=73,28% desviación=10,27%, media=63,04% desviación =7,99% y media=63,28% desviación =8,6% respectivamente.
- Los menores tiempos de ejecución y las mejores confiabilidades se obtienen con un estado en las cadenas ocultas de Markov.

3..2.4 Búsqueda de las mejores características por medio de un algoritmo genético en todos los espacios de representación: (T), (F) y (M)

Este experimento sirve para hallar la mejor combinación de características por medio de un algoritmo genético de la siguiente manera: se tienen 45 cromosomas correspondientes a cada característica de los tres espacios de representación, 17 características en tiempo (T), 16 características en frecuencia (F) y 12 coeficientes cepstrales en melcepstrum (M). Se contruyen 4 vectores de características por espacio que registran las mejores confiabilidades (media y desviación estándar): con la mejor característica, con las dos mejores características, con las tres mejores características y con las cuatro mejores características. Estas características fueron encontradas en el experimento “ANÁLISIS INDIVIDUAL DE CARACTERISTICAS”, posteriormente se combinan estos vectores, mutando y cruzando aleatoriamente hasta obtener el mejor individuo después de 20 generaciones. Este experimento se hace para un estado, dos estados y tres estados en HMM. Este experimento se realiza con cruce de dos puntos, mutación del 5%, fitness puro y una estrategia de evolución $(\mu+\lambda)$ -ES.

Tabla 6. Se muestran los tres primeros elites iniciales y los tres primeros elites finales ordenados de la mejor a la peor confiabilidad respectivamente con su representación binaria (1:desactivación de característica, 0:activación de característica), para uno, dos y tres estados en HMM.

Espacio		Tiempo (T)					
HMM	Característica	1	2	3	4	5	6
1	Elite inicial 1	1	1	1	1	0	1
	Elite final 1	1	1	1	1	0	0
	Elite inicial 2	1	1	1	1	0	0
	Elite final 2	1	1	1	1	0	0
	Elite inicial 3	1	1	1	1	0	0
	Elite final 3	1	1	1	1	0	1
HMM	Característica	7	8	9	10	11	12
1	Elite inicial 1	1	1	1	1	1	1
	Elite final 1	1	1	1	1	1	1
	Elite inicial 2	1	1	1	1	1	1
	Elite final 2	1	1	1	1	1	1
	Elite inicial 3	1	1	1	1	1	1
	Elite final 3	1	1	1	1	1	1

Continuación de la **tabla 6**.

HMM	Caracteristica	13	14	15	16	17	
1	Elite inicial 1	1	1	1	1	1	
	Elite final 1	0	1	1	1	0	
	Elite inicial 2	0	1	1	1	1	
	Elite final 2	0	1	1	1	0	
	Elite inicial 3	0	1	1	1	1	
	Elite final 3	1	1	1	1	1	
Espacio		Frecuencia (F)					
HMM	Caracteristica	1	2	3	4	5	6
1	Elite inicial 1	1	0	1	1	1	1
	Elite final 1	1	0	1	1	1	0
	Elite inicial 2	1	0	1	1	1	0
	Elite final 2	1	0	1	1	1	0
	Elite inicial 3	1	0	1	1	1	1
	Elite final 3	1	0	1	1	1	0
HMM	Caracteristica	7	8	9	10	11	12
1	Elite inicial 1	1	1	1	1	1	1
	Elite final 1	1	1	0	1	1	1
	Elite inicial 2	1	1	0	1	1	1
	Elite final 2	1	1	0	1	1	1
	Elite inicial 3	1	1	1	1	1	1
	Elite final 3	1	1	0	1	1	1
HMM	Caracteristica	13	14	15	16		
1	Elite inicial 1	1	1	1	1		
	Elite final 1	1	1	1	1		
	Elite inicial 2	1	1	0	1		
	Elite final 2	1	1	1	1		
	Elite inicial 3	1	1	1	1		
	Elite final 3	1	1	0	1		

Continuación de la **tabla 6**.

Espacio		Melceptrum (M)					
HMM	Característica	1	2	3	4	5	6
1	Elite inicial 1	0	1	1	1	1	1
	Elite final 1	0	0	1	1	1	1
	Elite inicial 2	0	0	0	1	1	0
	Elite final 2	0	0	1	1	1	0
	Elite inicial 3	0	0	0	1	1	0
	Elite final 3	0	0	1	1	1	1
HMM	Característica	7	8	9	10	11	12
1	Elite inicial 1	1	1	1	1	1	1
	Elite final 1	1	1	1	1	1	1
	Elite inicial 2	1	1	1	1	1	1
	Elite final 2	1	1	1	1	1	1
	Elite inicial 3	1	1	1	1	1	1
	Elite final 3	1	1	1	1	1	1
Espacio		Tiempo (T)					
HMM	Característica	1	2	3	4	5	6
2	Elite inicial 1	1	1	1	1	0	0
	Elite final 1	1	1	1	1	0	0
	Elite inicial 2	1	1	1	1	0	0
	Elite final 2	1	1	1	1	0	0
	Elite inicial 3	1	1	1	1	0	0
	Elite final 3	1	1	1	1	0	0
HMM	Característica	7	8	9	10	11	12
2	Elite inicial 1	1	1	1	1	1	1
	Elite final 1	1	1	1	1	1	1
	Elite inicial 2	1	1	1	1	1	1
	Elite final 2	1	1	1	1	1	1
	Elite inicial 3	1	1	1	1	1	1
	Elite final 3	1	1	1	1	1	1

Continuación de la **tabla 6.**

HMM	Caracteristica	13	14	15	16	17	
2	Elite inicial 1	0	1	1	1	1	
	Elite final 1	0	1	1	1	1	
	Elite inicial 2	1	1	1	1	1	
	Elite final 2	0	1	1	1	0	
	Elite inicial 3	0	1	1	1	1	
	Elite final 3	1	1	1	1	1	
Espacio		Frecuencia (F)					
HMM	Caracteristica	1	2	3	4	5	6
2	Elite inicial 1	1	0	1	1	1	1
	Elite final 1	1	0	1	1	1	0
	Elite inicial 2	1	0	1	1	1	0
	Elite final 2	1	0	1	1	1	0
	Elite inicial 3	1	0	1	1	1	0
	Elite final 3	1	0	1	1	1	0
HMM	Caracteristica	7	8	9	10	11	12
2	Elite inicial 1	1	1	1	1	1	1
	Elite final 1	1	1	1	1	1	1
	Elite inicial 2	1	1	0	1	1	1
	Elite final 2	1	1	0	1	1	1
	Elite inicial 3	1	1	0	1	1	1
	Elite final 3	1	1	0	1	1	1
HMM	Caracteristica	13	14	15	16		
2	Elite inicial 1	1	1	1	1		
	Elite final 1	1	1	1	1		
	Elite inicial 2	1	1	1	1		
	Elite final 2	1	1	0	1		
	Elite inicial 3	1	1	0	1		
	Elite final 3	1	1	1	1		

Continuación de la **tabla 6.**

Espacio		Melceptrum (M)					
HMM	Característica	1	2	3	4	5	6
2	Elite inicial 1	0	0	1	1	1	0
	Elite final 1	0	0	1	1	1	1
	Elite inicial 2	0	1	1	1	1	1
	Elite final 2	0	1	1	1	1	1
	Elite inicial 3	0	0	1	1	1	0
	Elite final 3	0	0	1	1	1	0
HMM	Característica	7	8	9	10	11	12
2	Elite inicial 1	1	1	1	1	1	1
	Elite final 1	1	1	1	1	1	1
	Elite inicial 2	1	1	1	1	1	1
	Elite final 2	1	1	1	1	1	1
	Elite inicial 3	1	1	1	1	1	1
	Elite final 3	1	1	1	1	1	1
Espacio		Tiempo (T)					
HMM	Característica	1	2	3	4	5	6
3	Elite inicial 1	1	1	1	1	0	1
	Elite final 1	1	1	1	1	0	0
	Elite inicial 2	1	1	1	1	0	0
	Elite final 2	1	1	1	1	0	1
	Elite inicial 3	1	1	1	1	0	0
	Elite final 3	1	1	1	1	0	0
HMM	Característica	7	8	9	10	11	12
3	Elite inicial 1	1	1	1	1	1	1
	Elite final 1	1	1	1	1	1	1
	Elite inicial 2	1	1	1	1	1	1
	Elite final 2	1	1	1	1	1	1
	Elite inicial 3	1	1	1	1	1	1
	Elite final 3	1	1	1	1	1	1

Continuación de la **tabla 6**.

HMM	Caracteristica	13	14	15	16	17	
3	Elite inicial 1	1	1	1	1	1	
	Elite final 1	1	1	1	1	1	
	Elite inicial 2	1	1	1	1	1	
	Elite final 2	1	1	1	1	1	
	Elite inicial 3	0	1	1	1	0	
	Elite final 3	1	1	1	1	1	
Espacio		Frecuencia (F)					
HMM	Caracteristica	1	2	3	4	5	6
3	Elite inicial 1	1	0	1	1	1	1
	Elite final 1	1	0	1	1	1	0
	Elite inicial 2	1	0	1	1	1	0
	Elite final 2	1	0	1	1	1	1
	Elite inicial 3	1	0	1	1	1	0
	Elite final 3	1	0	1	1	1	1
HMM	Caracteristica	7	8	9	10	11	12
3	Elite inicial 1	1	1	1	1	1	1
	Elite final 1	1	1	1	1	1	1
	Elite inicial 2	1	1	0	1	1	1
	Elite final 2	1	1	1	1	1	1
	Elite inicial 3	1	1	1	1	1	1
	Elite final 3	1	1	1	1	1	1
HMM	Caracteristica	13	14	15	16		
3	Elite inicial 1	1	1	1	1		
	Elite final 1	1	1	1	1		
	Elite inicial 2	1	1	1	1		
	Elite final 2	1	1	1	1		
	Elite inicial 3	1	1	1	1		
	Elite final 3	1	1	1	1		

Continuación de la **tabla 6**.

Espacio		Melceptrum (M)					
HMM	Característica	1	2	3	4	5	6
3	Elite inicial 1	0	1	1	1	1	1
	Elite final 1	0	0	0	1	1	0
	Elite inicial 2	0	0	1	1	1	1
	Elite final 2	0	0	0	1	1	0
	Elite inicial 3	0	0	1	1	1	1
	Elite final 3	0	0	1	1	1	0
HMM	Característica	7	8	9	10	11	12
3	Elite inicial 1	1	1	1	1	1	1
	Elite final 1	1	1	1	1	1	1
	Elite inicial 2	1	1	1	1	1	1
	Elite final 2	1	1	1	1	1	1
	Elite inicial 3	1	1	1	1	1	1
	Elite final 3	1	1	1	1	1	1

Tabla 7. Se muestran las medias y desviaciones por estado de salud y media y desviación total los tres primeros elites iniciales y los tres primeros elites finales ordenados de la mejor a la peor confiabilidad respectivamente, para uno, dos y tres estados en HMM.

HMM=1	A1		A2		A3	
	Media	desv	Media	desv	Media	Desv
Elite inicial 1	0.8640	0.1705	0.9600	0.1000	0.9840	0.0554
Elite final 1	0.8880	0.1155	0.9680	0.0554	0.9040	0.1833
Elite inicial 2	0.8640	0.1497	0.9840	0.0554	0.9360	0.1604
Elite final 2	0.8480	0.1661	0.9920	0.0400	0.9440	0.1227
Elite inicial 3	0.8960	0.1306	0.9840	0.0554	0.9440	0.1083
Elite final 3	0.8880	0.1424	1	0	0.8480	0.0240
HMM=1	B1		B2		B3	
	Media	desv	Media	desv	Media	Desv
Elite inicial 1	1	0	0.9680	0.0748	1	0
Elite final 1	1	0	0.9760	0.1815	0.9280	0.0800
Elite inicial 2	1	0	0.9760	0.0663	0.9840	0.0800
Elite final 2	1	0	0.9840	0.0554	0.9600	0.1633
Elite inicial 3	1	0	0.9520	0.1046	0.9920	0.0400
Elite final 3	0.9760	0	0.9680	0.0879	1	0

Continuación de la **tabla 7**.

HMMall=1	Normal		C1		C2	
	Media	desv	Media	desv	Media	Desv
Elite inicial 1	1	0	0.8960	0.1645	0.8960	0.1541
Elite final 1	1	0.0400	0.9040	0.1400	0.8320	0.1381
Elite inicial 2	1	0	0.9120	0.1424	0.9040	0.1306
Elite final 2	1	0	0.9280	0.1514	0.8960	0.1428
Elite inicial 3	0.9920	0.0400	0.9920	0.1155	0.8800	0.1915
Elite final 3	1	0	0.9520	0.0104	0.8960	0.1428
HMM=1	C3		Total			
	Media	desv	Media	desv		
Elite inicial 1	1	0.0554	0.9552	0.0680		
Elite final 1	0.9040	0.0400	0.9504	0.0460		
Elite inicial 2	0.9840	0.0554	0.9544	0.0595		
Elite final 2	0.9440	0.1083	0.9496	0.0493		
Elite inicial 3	0.9680	0.0748	0.9544	0.0553		
Elite final 3	0.9680	0.0748	0.9496	0.0537		
HMM=2	A1		A2		A3	
	Media	desv	Media	desv	Media	Desv
Elite inicial 1	0.9040	0.1306	0.9920	0.0400	0.8560	0.1960
Elite final 1	0.9440	0.0917	0.9920	0.0400	0.8640	0.1800
Elite inicial 2	0.8880	0.1424	0.9760	0.0663	0.8800	0.1633
Elite final 2	0.9280	0.1621	1	0	0.8640	0.1705
Elite inicial 3	0.8960	0.1306	0.9920	0.0400	0.8240	0.2471
Elite final 3	0.8960	0.1428	1	0	0.9120	0.1740
HMM=2	B1		B2		B3	
	Media	desv	Media	desv	Media	Desv
Elite inicial 1	1	0	0.9520	0.1046	0.9840	0.0800
Elite final 1	1	0	0.9440	0.1474	0.9600	0.1155
Elite inicial 2	1	0	0.9440	0.1474	0.9760	0.0663
Elite final 2	1	0	0.9520	0.1327	0.9920	0.0400
Elite inicial 3	1	0	0.9440	0.1356	0.9680	0.1108
Elite final 3	1	0	0.9360	0.1497	0.9680	0.1108

Continuación de la **tabla 7**.

HMM=2	Normal		C1		C2	
	Media	desv	Media	desv	Media	Desv
Elite inicial 1	1	0	0.9440	0.1356	0.8960	0.1306
Elite final 1	1	0	0.9680	0.0748	0.8960	0.1172
Elite inicial 2	1	0	0.8880	0.2088	0.9360	0.0952
Elite final 2	1	0	0.9200	0.1633	0.8800	0.1291
Elite inicial 3	1	0	0.9200	0.1633	0.9280	0.1275
Elite final 3	1	0	0.9120	0.1922	0.9200	0.1000
HMM=2	C3		Total			
	Media	desv	Media	desv		
Elite inicial 1	0.9680	0.0748	0.9496	0.0892		
Elite final 1	0.9680	0.0748	0.9536	0.0841		
Elite inicial 2	0.9760	0.0663	0.9464	0.0956		
Elite final 2	0.9920	0.0400	0.9528	0.0838		
Elite inicial 3	0.9920	0.0400	0.9464	0.0995		
Elite final 3	0.9600	0.0816	0.9504	0.0951		
HMM=3	A1		A2		A3	
	Media	desv	Media	desv	Media	Desv
Elite inicial 1	0.9120	0.1166	0.9840	0.0800	0.8560	0.2274
Elite final 1	0.8960	0.1306	0.9840	0.0554	0.8880	0.1922
Elite inicial 2	0.8880	0.1740	0.9760	0.0663	0.8640	0.2361
Elite final 2	0.9040	0.1837	0.9920	0.0400	0.8320	0.2212
Elite inicial 3	0.8800	0.1414	0.9920	0.0400	0.8720	0.2301
Elite final 3	0.9120	0.1301	0.9840	0.0554	0.7920	0.2737
HMM=3	B1		B2		B3	
	Media	desv	Media	desv	Media	Desv
Elite inicial 1	1	0	0.9120	0.1301	0.9760	0.0879
Elite final 1	1	0	0.9280	0.1400	0.9840	0.0800
Elite inicial 2	1	0	0.9520	0.1447	0.9840	0.0554
Elite final 2	1	0	0.8880	0.1922	0.9680	0.0945
Elite inicial 3	1	0	0.9520	0.1327	0.9200	0.1732
Elite final 3	1	0	0.9520	0.1327	0.9760	0.0663

Continuación de la **tabla 7**.

HMM=3	Normal		C1		C2	
	Media	desv	Media	desv	Media	Desv
Elite inicial 1	1	0	0.9520	0.1327	0.8880	0.1013
Elite final 1	1	0	0.9440	0.1356	0.8240	0.1665
Elite inicial 2	1	0	0.9040	0.1837	0.9120	0.1301
Elite final 2	1	0	0.9680	0.1249	0.9120	0.1301
Elite inicial 3	1	0	0.9680	0.0748	0.8640	0.1381
Elite final 3	1	0	0.9840	0.0554	0.8480	0.1558
HMM=2	C3		Total			
	Media	desv	Media	desv		
Elite inicial 1	0.9840	0.0554	0.9464	0.0932		
Elite final 1	0.9840	0.0554	0.9432	0.0956		
Elite inicial 2	0.9680	0.0748	0.9448	0.1065		
Elite final 2	0.9680	0.0945	0.9432	0.1081		
Elite inicial 3	0.9920	0.0400	0.9440	0.0970		
Elite final 3	0.9760	0.0663	0.9424	0.0936		

Con el fin de analizar los datos consignados en la **Tabla 6** y **Tabla 7** se muestran las figuras 14, figura 15 y figura 16 para analizar con 1, 2 y 3 estados en HMM respectivamente.

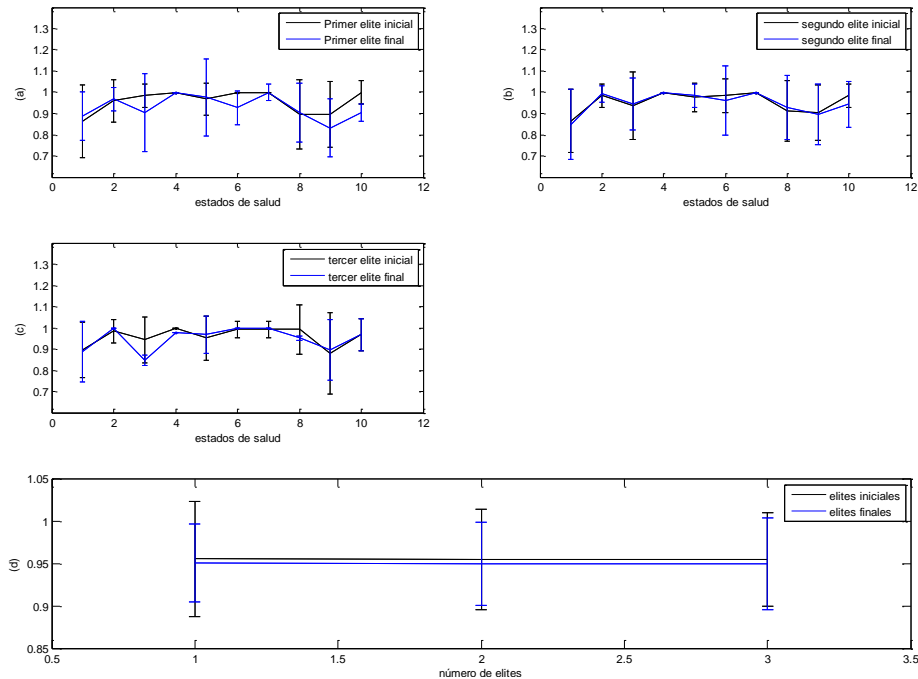


Figura 14: Confiabilidades por población elite inicial y final, en los 10 estados de salud. (d): evolución elites iniciales respecto a los finales por estados HMM.

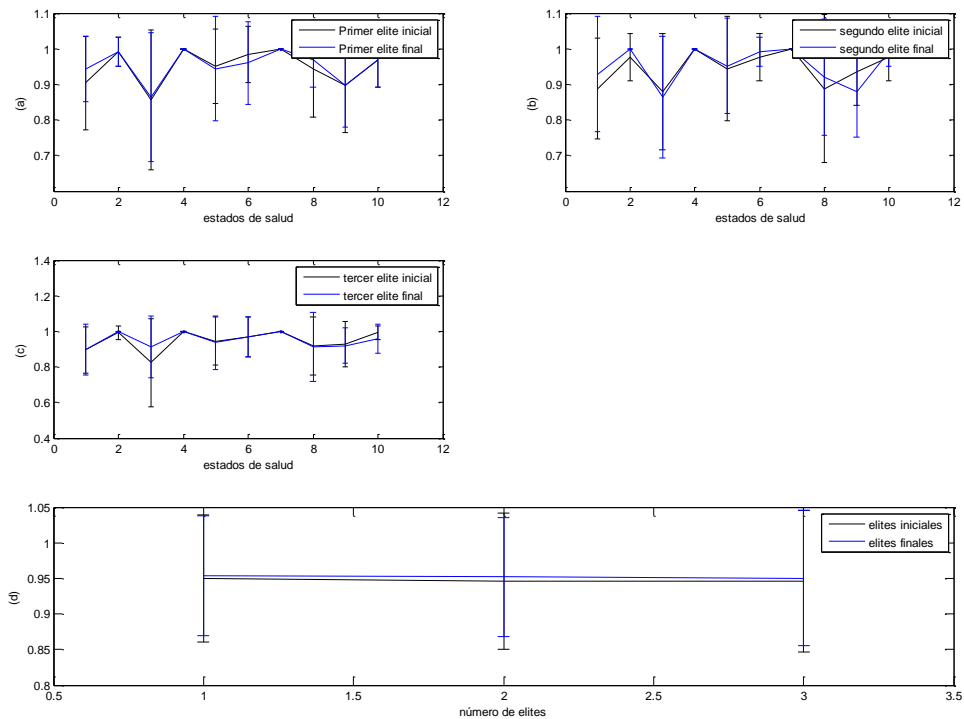


Figura 15: Confiabilidades para cada elite inicial y final, en los 10 estados de salud. (d): Evolución de elites iniciales respecto a finales según estados HMM.

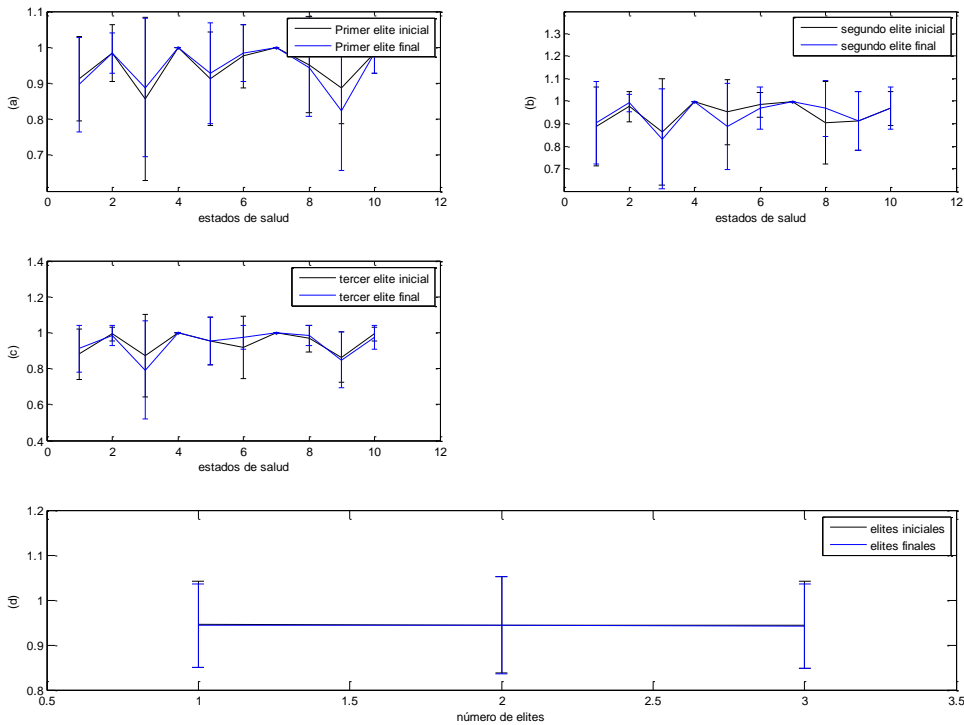


Figura 16: Confiabilidades para cada elite inicial y final, en los 10 estados de salud. (d): Evolución de elites iniciales respecto a finales según estados HMM.

Análisis

- La mayor confiabilidad total la presenta el individuo Elite final 1 , con una media y una desviación de 95,04% y 4,6%, que corresponde a las características 5 en tiempo, 2 en frecuencia y 1 y 2 en melcepstrum para un estado en HMM.
- La menor confiabilidad total la presenta el individuo Elite inicial 1 , con una media y una desviación de 95,52% y 6,8%, que corresponde a las características 5 en tiempo, 2 en frecuencia y 1 en melcepstrum para un estado en HMM.
- Según las figuras **Fig. 14.a**, **Fig. 14.b** y **Fig 14.c** los tipos de fallos: A3 e B2 presentan mayor confiabilidades en sus elites iniciales que sus elites finales, esto quiere decir que en estos dos estados la confiabilidad del mejor individuo después de la ejecución del algoritmo genético es peor que la confiabilidad del primer individuo elite al comienzo de la ejecución del algoritmo genético para un estado en HMM.
- El fallo tipo B1 y Normal presentan en casi todos sus individuos una confiabilidad perfecta (media=100% y desviación=0%) para un estado en HMM.
- Los peores tipos de fallo, o sea los que presentan bajas confiabilidades en casi todos sus individuos son: A1, C1 y C2 pues presentan medias y desviaciones menores a 90% mayores 10% respectivamente, para casi todos sus individuos y para un estado en HMM.
- Según la figura **Fig. 14.d** los elites finales presentan una mejor confiabilidad que los elites iniciales, esto quiere decir que los individuos mejoraron sus confiabilidades por medio del algoritmo genético para un estado en HMM.
- Según la tabla 5 y la figura **Fig. 14.d** el individuo con la mayor confiabilidad es el individuo elite final 1, el cual corresponde a las características: 5 en tiempo, 2 en frecuencia, 1 y 2 en melcepstrum, lo cual sustenta los resultados obtenidos en el experimento “ANÁLISIS INDIVIDUAL DE CARACTERÍSTICAS” para un estado en HMM.
- La mayor confiabilidad total la presenta el individuo Elite final 1 , con una media y una desviación de 95,36% y 8,41%, que corresponde a las características 5, 6 y 13 en tiempo, 2 en frecuencia y 1, 2 y 6 en melcepstrum para dos estados en HMM.
- La menor confiabilidad total la presenta el individuo Elite inicial 3 , con una media y una desviación de 94,64% y 9,95%, que corresponde a las características 5, 6 y 13 en tiempo, 2, 6 y 9 en frecuencia y 1 y 2 en melcepstrum para dos estados en HMM.
- Según las figuras **Fig. 15.a**, **Fig. 15.b** y **Fig 15.c** el estado de salud B2 presenta mayor confiabilidad en sus elites iniciales que sus elites finales, esto quiere decir que en estos dos estados la confiabilidad del mejor individuo después de la ejecución del algoritmo genético es peor que la confiabilidad del primer individuo elite al comienzo de la ejecución del algoritmo genético para dos estados en HMM.
- El fallo tipo B1 y Normal presentan en todos sus individuos una confiabilidad perfecta (media=100% y desviación=0%) para dos estados en HMM.

- Los peores tipos de fallos, o sea los que presentan bajas confiabilidades en casi todos sus individuos son: A1, A3, C1 y C2 pues presentan medias y/o desviaciones menores a 90% mayores 10% respectivamente, para casi todos sus individuos y para dos estados en HMM.
- Según la figura **Fig. 15.d** los elites finales presentan una mayor confiabilidad que los elites iniciales, esto quiere decir que los individuos mejoraron sus confiabilidades por medio del algoritmo genético para dos estados en HMM.
- Según la tabla 5 y la figura **Fig. 15.d** el individuo con la mayor confiabilidad es el individuo elite final 1, el cual corresponde a las características: 5, 6 y 13 en tiempo, 2 en frecuencia, 1, 2 y 6 en melcepstrum, lo cual sustenta los resultados obtenidos en el experimento “ANÁLISIS INDIVIDUAL DE CARACTERISTICAS” para dos estados en HMM.
- La mayor confiabilidad total la presenta el individuo Elite final 1 , con una media y una desviación de 94,32% y 9,32%, que corresponde a las características 5 en tiempo, 2 en frecuencia y 1 en melcepstrum para tres estados en HMM.
- La menor confiabilidad total la presenta el individuo Elite inicial 2 , con una media y una desviación de 94,32% y 10,81%, que corresponde a las características 5 y 6 en tiempo, 2, 6 y 9 en frecuencia y 1 y 2 en melcepstrum para un estado en HMM.
- Según las figuras **Fig. 16.a**, **Fig. 16.b** y **Fig 16.c** los estados de salud: A1, A2, C1 y C2 presentan mejores confiabilidades en sus elites iniciales que sus elites finales, esto quiere decir que en estos dos estados la confiabilidad del mejor individuo después de la ejecución del algoritmo genético es peor que la confiabilidad del primer individuo elite al comienzo de la ejecución de este para tres estados en HMM.
- El fallo tipo B1 y Normal presentan en todos sus algoritmo una confiabilidad perfecta (media=100% y desviación=0%) para tres estados en HMM.
- Los menores estados de salud, o sea los que presentan malas confiabilidades en casi todos sus individuos son: A3 y C2 pues presentan medias y desviaciones menores a 90% mayores 10% respectivamente, para casi todos sus individuos y para un estado en HMM.
- Según la figura **Fig. 16.d** los elites finales presentan una mejor confiabilidad que los elites iniciales, esto quiere decir que los individuos mejoraron sus confiabilidades por medio del algortmo genético aunque por una diferencia pequeña (del orden del 0.1%) para un estado en HMM.
- Según la tabla 5 y la figura **Fig. 16.d** el individuo con la mejor confiabilidad es el individuo elite final 1, el cual corresponde a las características: 5 en tiempo, 2 en frecuencia, 1 en melcepstrum, lo cual sustenta los resultados obtenidos en el experimento “ANÁLISIS INDIVIDUAL DE CARACTERISTICAS” para tres estados en HMM.
- Los menores tiempos de ejecución y las mejores confiabilidades totales se presentan con un estado en HMM.

4 CONCLUSIONES

- El espacio de representación tiempo sirve para observar la forma de onda de una señal de vibración, puesto que diferentes formas de onda en el tiempo producen el mismo espectro en frecuencias. También sirve para identificar componentes que parecen ser espectros y no lo son. El espacio de representación frecuencia sirve para observar los componentes frecuenciales en una señal de vibración puesto que en tiempo es imposible de detectar cambios de frecuencia o armónicos de la señal. Finalmente el espacio de representación tiempo-frecuencia (melcepstrum) combina las dos ventajas de los espacios de representación tiempo y frecuencia, pues en este se nota la evolución de la forma de onda de la señal respecto a sus armónicos.
- Para que sea efectivo el entrenamiento basado en HMM es necesario normalizar la base de datos, realizar filtrado antialiasing y desarrollar el ventaneo de la señal, esto para que HMM clasifique de manera correcta los estados de salud caracterizados, pues las señales de vibración tienen grandes componentes no estacionarias, lo que hace difícil el análisis de esta, las ventanas hacen que la señal sea estacionaria por tramos de la señal de vibración, el filtrado antialiasing separa la señal de vibración de interés de señales parasitas recolectadas por los sensores de vibración, finalmente la normalización de una señal es indispensable para que todas las características estén en una misma escala, de esta manera evitando errores los de entrenamiento.
- Para el entrenamiento de un modelo basado en HMM con una base de datos de vibración de un motor diésel espacio de representación que registra los menores tiempos de ejecución es tiempo, por otro lado el espacio de representación que registra los mayores tiempos de ejecución del algoritmo es el Melcepstrum (diez veces mas que en los otros espacios de representación). En este espacio también se registran confiabilidades perfectas para los estados de salud Normal y C2 aunque su confiabilidad total es muy baja comparada con los otros dos espacios de representación (tiempo y frecuencia), por otro lado el espacio de representación tiempo registra las mejores confiabilidades totales respecto a los demás espacios. Al combinar los espacios de representación para entrenar el modelo se obtiene que la combinación con mejor confiabilidad total la registra tiempo-frecuencia y la peor melcepstrum-frecuencia, aunque al compararla con melcepstrum sigue siendo peor la confiabilidad de este espacio que la de melcepstrum-frecuencia.
- Según los cuatro experimentos desarrollados en este trabajo se concluye que el mejor número de estados de HMM para esta base de datos es de uno y va empeorando paulatinamente tanto sus confiabilidades totales como sus tiempos de ejecución a medida que incrementan los estados en HMM.
- Las características que aportan mas al entrenamiento del modelo son; en tiempo: 5 y 6 (ecuaciones: ec 3.11 y ec 3.12), en frecuencia 2 y 6 (ecuaciones: ec 3.25 y ec 3.28), en melcepstrum 1 y 2 (correspondientes al coeficiente cepstral 1 y 2), esto corroborado en los experimentos: “ANÁLISIS INDIVIDUAL DE CARACTERÍSTICAS” y “BUSQUEDA DE LAS MEJORES CARACTERÍSTICAS POR MEDIO DE UN ALGORITMO GENETICO EN TODOS LOS ESPACIOS DE REPRESENTACION: (T), (F) Y (M)”.

5 BIBLIOGRAFÍA

- [1] R., Pena ; Cardenas, R.; J., Proboste ; Clare, J.; G. ,Asher, "Wind–Diesel Generation Using Doubly Fed Induction Machines," in *Energy Conversion, IEEE Transactions on*, vol.23, no.1,pp.202-214, March2008.
- [2] Sugden, B.; Drury, T., "Investigation into the viability of replacing internal combustion diesel generators with diesel fired stirling engine generators for remote microwave radio telecommunication applications," in *Telecommunications Energy Conference (INTELEC), 2012 IEEE 34th International* , vol., no., pp.1-8, Sept. 30 2012-Oct. 4 2012.
- [3] Yong Chang; Yihuai Hu, "Vibration diagnosis study about the marine diesel engine based on BSS," in *Signal Processing Systems (ICSPS), 2010 2nd International Conference on* , vol.3, no., pp.V3-196-V3-200, 5-7 July 2010.
- [4] Wang Jing; Deng Jun; Wang Bin, "The Application of Correlation Dimensions of Vibration Signals in Analysis of the Technological State of Diesel Engines," in *Measuring Technology and Mechatronics Automation (ICMTMA), 2011 Third International Conference on* , vol.3, no., pp.683-685, 6-7 Jan. 2011.
- [5] Yunxian Jia; Lei Sun; Hongzhi Teng, "A comparison study of hidden Markov model and particle filtering method: Application to fault diagnosis for gearbox," in *Prognostics and System Health Management (PHM), 2012 IEEE Conference on* , vol., no., pp.1-7, 23-25 May 2012.
- [6] El Mokadem, M.; Nichita, C.; Reghem, P.; Dakyo, B., "Short Term Energy Storage Based on Reluctance Machine Control for Wind Diesel System," in *Power Electronics and Motion Control Conference, 2006. EPE-PEMC 2006. 12th International* , vol., no., pp.1585-1590, Aug. 30 2006-Sept. 1 2006.
- [7] Duque, G. "Introducción A La Economía Del Transporte". Universidad Nacional de
- [8] Chao Jin; Wenyu Zhao; Zongchang Liu; Lee, J.; Xiao He, "A vibration-based approach for diesel engine fault diagnosis," in *Prognostics and Health Management (PHM), 2014 IEEE Conference on* , vol., no., pp.1-9, 22-25 June 2014.
- [9] Chen, C. H., Yan, S., & Chen, M. (2008, October). A manpower supply planning model for MRT carriage maintenance. In *Service Operations and Logistics, and Informatics, 2008. IEEE/SOLI 2008. IEEE International Conference on (Vol. 2, pp. 1823-1828)*. IEEE.
- [10] McMahon, S. W. (1999). U.S. Patent No. 5,956,658. Washington, DC: U.S. Patent and Trademark Office.
- [11] Hongwu Xu; Yugang Fan; Jiande Wu; Yang Gao; Zhongli Yu, "Bearing fault diagnosis method based on singular value decomposition and hidden Markov model," in *Control and Decision Conference (CCDC), 2015 27th Chinese* , vol., no., pp.6355-6359, 23-25 May 2015
- [12] Pons Y Torres, Pablo "mecánica de vehículos pesados, Manual de enseñanza programada", pons editorial, 1996.

- [13] Diego Fernando Medina C. "Evaluación de metodologías para el diagnóstico automatizado de la severidad de fallas, a partir de vibraciones mecánicas en rodamientos, usando características de tiempo y de frecuencia con los modelos ocultos de Markov", proyecto de grado para optar al título de ingeniería eléctrica en la universidad tecnológica de Pereira. Agosto del año 2013.
- [14] Zhe Wang; Songcan Chen; Jun Liu; Daoqiang Zhang, "Pattern Representation in Feature Extraction and Classifier Design: Matrix Versus Vector," in Neural Networks, IEEE Transactions on , vol.19, no.5, pp.758-769, May 2008.
- [15] Cungui Tao; Lingling Zhao; Xiaohong Su; Peijun Ma, "PSO-based feature extraction for high dimension small sample," in Advanced Computational Intelligence (ICACI), 2012 IEEE Fifth International Conference on , vol., no., pp.229-233, 18-20 Oct. 2012.
- [16] ia-shan Huang; Ping-jun Zhang, "Fault Diagnosis for Diesel Engines Based on Discrete Hidden Markov Model," in Intelligent Computation Technology and Automation, 2009. ICICTA '09. Second International Conference on , vol.2, no., pp.513-516, 10-11 Oct. 2009.
- [17] Hong Shen; Hongdong Zhao; Ruili Zeng; Yunkui Xiao; Jianmin Mei, "Feature extraction on connecting rod bearing fault based on EMD and Gabor transformation," in Computer Science and Network Technology (ICCSNT), 2012 2nd International Conference on , vol., no., pp.1314-1317, 29-31 Dec. 2012.
- [18] Jialiang Huang; Dan Wang; Guohao Yang, "Study on status monitoring and fault diagnosis for diesel engine based on oil analysis," in Intelligent Control and Information Processing (ICICIP), 2012 Third International Conference on , vol., no., pp.132-135, 15-17 July 2012.
- [19] Vintimilla, C., & Rene, M. (2014). Establecimiento de una base de datos de señales de vibraciones mecánicas de una caja reductora combinando fallos de rodamientos y engranajes rectos para fines investigativos en la Universidad Politécnica Salesiana.
- [20] Muñoz Torres, D. F. (2016). Pronóstico de vida útil restante en rodamientos, con base en datos de vibraciones y sistemas de inferencia estocástica con degradación no lineal.
- [21] Herrera, F., Lozano, M., & Verdegay, J. L. (1995). Algoritmos genéticos: Fundamentos, extensiones y aplicaciones. Arbor, 152(597), 9.
- [22] Gestal, M., Rivero, D., Rabuñal, J. R., Dorado, J., & Pazos, A. (2010). Introducción a los Algoritmos genéticos y la Programación genética. A Coruña, 2010, 30-68.
- [23] Chakraborty, D., Sharma, C. P., Das, B., Abhishek, K., & Malakar, T. (2009, December). Distribution system load flow solution using genetic algorithm. In Power Systems, 2009. ICPS'09. International Conference on (pp. 1-6). IEEE.
- [24] Londono, J. D. A. (2007). Reducción de espacios de entrenamiento empleando modelos ocultos de markov basados en entrenamiento discriminativo (Doctoral dissertation, Master's thesis, Universidad Nacional de Colombia-sede Manizales).
- [25] Álvarez, M., & Henao, R. (2007). Modelos Ocultos de Markov en espacios de disimilaridad: Alternativas para la selección de prototipos. Scientia Et Technica, 1(35).
- [26] Oropeza Rodríguez, J. L., & Suárez Guerra, S. (2006). Algoritmos y métodos para el reconocimiento de voz en español mediante sílabas. Computación y sistemas, 9(3), 270-286.

- [27] Clemente, E., Vargas, A., Olivier, A., Kirschning, I., & Cervantes, O. (2001). Entrenamiento y Evaluación de reconocedores de Voz de Propósito General basados en Redes Neuronales feed-forward y Modelos Ocultos de Markov, Graduate Thesis, Dept. Computer Systems Engineering, UDLAP.
- [28] Espinosa, D., Gallo, P., González, Y., & Sotto, F. (2005). Búsqueda de genes utilizando modelos de Markov ocultos.
- [29] Guerrero, O. E. G., Valero, E. L., & Llecha, J. B. (2010). Desarrollo de diferentes métodos de selección de variables para sistemas multisensoriales. Universitat Rovira i Virgili.
- [30] Delgado, E., Castaño, A. M., Godino, J. I., & Castellanos, G. (2008, January). Detección de soplos cardiacos usando medidas derivadas del Análisis Acústico en señales fonocardiográficas. In IFMBE PROCEEDINGS (Vol. 18, No. 1, p. 202). SPRINGER SCIENCE+ BUSINESS MEDIA.
- [31] Toledo, G. (1994). Compresión rítmica en el español caribeño: habla espontánea. Estudios de fonética experimental, 6, 187-217.
- [32] López, F. J., & Cárdenas, P. F. (2013). DISEÑO E IMPLEMENTACIÓN DE FILTROS ANTIALIASING PARA LA ADQUISICIÓN DE ARMÓNICOS DE CORRIENTE Y TENSIÓN EN UN FAP. REVISTA COLOMBIANA DE TECNOLOGIAS DE AVANZADA (RCTA), 2(18).
- [33] Mañana Guichón, G. Algoritmos de antialiasing. Ingeniería e Investigación; núm. 30 (1993): Departamento de Ingeniería de Sistemas, 15 años; 25-41 Ingeniería e Investigación; núm. 30 (1993): Departamento de Ingeniería de Sistemas, 15 años; 25-41 2248-8723 0120-5609.
- [34] Muñoz Torres, D. F. (2016). Pronóstico de vida útil restante en rodamientos, con base en datos de vibraciones y sistemas de inferencia estocástica con degradación no lineal.
- [35] López, F. J., & Cárdenas, P. F. (2013). DISEÑO E IMPLEMENTACIÓN DE FILTROS ANTIALIASING PARA LA ADQUISICIÓN DE ARMÓNICOS DE CORRIENTE Y TENSIÓN EN UN FAP. REVISTA COLOMBIANA DE TECNOLOGIAS DE AVANZADA (RCTA), 2(18).
- [36] Bishop, C. (2007). Pattern Recognition and Machine Learning (Information Science and Statistics), 1st edn. 2006. corr. 2nd printing edn.